

(19) 世界知的所有権機関
国際事務局



(43) 国際公開日
2004 年 5 月 6 日 (06.05.2004)

PCT

(10) 国際公開番号
WO 2004/038018 A1

(51) 国際特許分類: C12N 15/09,
15/12, C07K 14/47, 16/18, C12N 1/15, 1/19, 1/21, 5/10,
5/06, C12Q 1/02, G01N 33/48, 33/53

〒600-8385 京都府 京都市 下京区高辻通大宮東入
五坊大宮町90 真徳ハイ ツ507 Kyoto (JP). 高井 義美
(TAKAI, Yoshimi) [JP/JP]; 〒651-2102 兵庫県 神戸市
西区学園東町2-5-73 Hyogo (JP).

(21) 国際出願番号: PCT/JP2003/013420

(74) 代理人: 清水 初志, 外(SHIMIZU, Hatsushi et al.); 〒
300-0847 茨城県 土浦市 卸町 1-1-1 関鉄つくばビ
ル 6 階 Ibaraki (JP).

(22) 国際出願日: 2003 年 10 月 21 日 (21.10.2003)

(25) 国際出願の言語: 日本語

(26) 国際公開の言語: 日本語

(30) 優先権データ:
特願 2002-307573
2002 年 10 月 22 日 (22.10.2002) JP

(81) 指定国 (国内): AE, AG, AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB,
BG, BR, BY, BZ, CA, CH, CN, CO, CR, CU, CZ, DE, DK,
DM, DZ, EC, EE, EG, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR,
HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KR, KZ, LC, LK, LR, LS,
LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, MZ, NI,
NO, NZ, OM, PG, PH, PL, PT, RO, RU, SC, SD, SE, SG,
SK, SL, SY, TJ, TM, TN, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ,
VC, VN, YU, ZA, ZM, ZW.

(71) 出願人 (米国を除く全ての指定国について): エーザ
イ株式会社 (EISAI CO., LTD.) [JP/JP]; 〒112-8088 東
京都 文京区 小石川 4 丁目 6 番 1 0 号 Tokyo (JP).

(84) 指定国 (広域): ARIPO 特許 (GH, GM, KE, LS, MW, MZ,
SD, SL, SZ, TZ, UG, ZM, ZW), ユーラシア特許 (AM,
AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), ヨーロッパ特許
(AT, BE, BG, CH, CY, CZ, DE, DK, EE, ES, FI, FR, GB,
GR, HU, IE, IT, LU, MC, NL, PT, RO, SE, SI, SK, TR),
OAPI 特許 (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GQ, GW,
ML, MR, NE, SN, TD, TG).

(72) 発明者; および

(75) 発明者/出願人 (米国についてののみ): 皆木 康子
(MINAKI, Yasuko) [JP/JP]; 〒606-0806 京都府 京
都市 左京区下鴨 夢倉町 19-3 中川方 Kyoto (JP).
尾野 雄一 (ONO, Yutchi) [JP/JP]; 〒567-0041 大阪
府 茨木市 下穂積 1-2-30-403 Osaka (JP). 坂本 佳正
(SAKAMOTO, Yoshimasa) [JP/JP]; 〒615-0813 京都
府 京都市 右京区西京極 佃町 13 番地 ラセットアベ
ニュー 707 Kyoto (JP). 水原 英理 (MIZUHARA, Eri)
[JP/JP]; 〒639-1054 奈良県 大和郡 山市 新町 305-7
Nara (JP). 中谷 智哉 (NAKATANI, Tomoya) [JP/JP];

添付公開書類:
— 国際調査報告書

2 文字コード及び他の略語については、定期発行される
各 PCT ガゼットの巻頭に掲載されている「コードと略語
のガイダンスノート」を参照。

(54) Title: GENE EXPRESSED SPECIFICALLY IN DOPAMINE-PRODUCING NEURON PRECURSOR CELLS AFTER TER-
MINATION OF DIVISION

(54) 発明の名称: 分裂停止後のドーパミン産生ニューロン前駆細胞に特異的に発現している遺伝子

(57) Abstract: A novel gene 65B13 which is expressed specifically and transiently in dopamine-producing neuron precursor cells
immediately after the termination of division. Using the expression of the above 65B13 in cells as an indication, it becomes pos-
sible to select cells appropriate for transplantation therapy for neurodegenerative diseases including Parkinson's disease from the
viewpoints of safety, survival rate and network formation.

(57) 要約: 本発明により、分裂停止直後のドーパミン産生ニューロン前駆細胞に特異的、且つ一過性に発現する新規
遺伝子 65B13 が得られた。細胞における該 65B13 の発現を指標とすることにより、安全面、生存率及びネットワーク
形成能の面でもパーキンソン病を含む神経変性疾患に対する移植治療に適した細胞を選択することが可能となった。

- 1 -

明細書

分裂停止後のドーパミン産生ニューロン前駆細胞に特異的に発現している遺伝子

5 技術分野

本発明は、分裂停止後のドーパミン産生ニューロンにおいて発現している新規遺伝子 65B13 に関する。該遺伝子の発現を検出することにより、パーキンソン病 (PD) 等の神経変性疾患の移植治療において用いられるドーパミン産生ニューロン前駆細胞を効率的に分離することができる。

10

背景技術

ドーパミン系は、哺乳動物の脳において重要な運動調節、ホルモン分泌調節、情動調節等に関与する非常に重要な系である。従って、ドーパミン作動性神経伝達における異常は、様々な神経系の障害を引き起こす。例えば、パーキンソン病 (PD) は、中脳黒質のドーパミン産生ニューロンの特異的な脱落が原因で起こる錐体外路系の神経変性疾患である (HARRISON' S PRINCIPLES OF INTERNAL MEDICINE 第 2 巻 第 23 版, Isselbacher et al. 編, McGraw-Hill Inc., NY (1994) pp. 227 5-7)。治療法としては、産生されるドーパミン量の低下を補うために L-DOPA (3, 4-ジヒドロキシフェニルアラニン) を経口投与する方法が主として行われているが、

15 効果の持続性が良くないことが知られている。

20

最近では失われたドーパミン産生ニューロンを補うために、ドーパミン産生ニューロン前駆細胞を含む 6~9 週齢の中絶胎児の中脳腹側領域を移植する治療法も試みられている (米国特許第 5690927 号; Spencer et al. (1992) N. Engl. J. Med. 327: 1541-8; Freed et al. (1992) N. Engl. J. Med. 327: 1549-55; Widner et al. (1992) N. Engl. J. Med. 327: 1556-63; Kordower et al. (1995) N. Engl. J. Med. 332: 1118-24; Defer et al. (1996) Brain 119: 41-50; Lopez-Loz

25

- 2 -

ano et al. (1997) Transp. Proc. 29: 977-80)。しかし、現在のところ、この方法では細胞の供給面、倫理面(Rosenstain (1995) Exp. Neurol. 33: 106; Turner et al. (1993) Neurosurg. 33: 1031-7)で問題があると共に、感染汚染の危険性、免疫学的な移植片拒絶(Lopez-Lozano et al. (1997) Transp. Proc. 29: 977-80; 5 Widner and Brudin (1988) Brain Res. Rev. 13: 287-324)、胎児組織が糖分解よりも脂質代謝に主に依存しているための生存率の低さ(Rosenstein (1995) Exp. Neurol. 33: 106)等の様々な面で問題が指摘されている。

倫理面や供給不足の問題を解決するために、例えばブタ由来の皮質、線条、及び中脳細胞を用いる方法等も提案されている(例えば、特表平 10-508487 号公報; 10 特表平 10-508488 号公報; 特表平 10-509034 号公報参照)。この方法においては、細胞表面上の抗原(MHC クラス I 抗原)を改変するという煩雑な操作が必要とされる。そこで、中絶胎児由来の細胞に代えて、胚性幹細胞(ES)細胞、骨髓間質細胞などの非神経系細胞からの *in vitro* におけるドーパミン産生ニューロンの分化系の利用が有望視されている。将来的には ES 細胞若しくは患者本人の持つ神経幹細胞からの再生治療の重要性が増してくるものと思われる。移植片拒絶を解消する 15 方法としては、例えば、セルトリー細胞を同時に移植することにより、局在的に免疫抑制する方法も提案されている(特表平 11-509170 号公報; 特表平 11-501818 号公報; Selawry and Cameron (1993) Cell Transplant 2: 123-9)。MHC がマッチする血縁者、他人の骨髓、骨髓バンク、及び臍帯血バンク等から移植細胞を得る 20 ことも可能であるが、患者自身の細胞を用いることができれば、余計な操作や手間なしに拒絶反応の問題も解決することができる。

その他、問題となるのは、ニューロン前駆細胞が不均一な細胞集団へと分化する可能性がある点である。パーキンソン病の治療においては、カテコールアミン含有ニューロンの中でもドーパミン産生ニューロンを選択的に移植することが必要である。これまで、パーキンソン病の治療に用いることが提案されている移植 25 細胞としては、線条体(Lindvall et al. (1989) Arch. Neurol. 46: 615-31 ; Wi

- 3 -

5 dner et al. (1992) N. Engl. J. Med. 327: 1556-63)、ヒト胎児神経由来の不死化セルライン(特表平 8-509215 号公報; 特表平 11-506930 号公報; 特表 2002-522 070 号公報)、NT2Z 細胞の有糸分裂後ヒトニューロン(特表平 9-5050554 号公報)、ニューロン始原細胞(特表平 11-509729 号公報)、ドーパミン等のカテコールアミンを産生するように外来遺伝子によりトランスフェクトされた細胞、骨髄ストロ
マ細胞(特表 2002-504503 号公報; 特表 2002-513545 号公報)等が挙げられる。しかしながらいずれも、ドーパミン産生ニューロンまたはドーパミン産生ニューロンへと分化する細胞のみを含むものではない。

10 未分化な細胞集団からドーパミン産生ニューロンを選択的に濃縮・分離する方法としては、ドーパミン産生ニューロンで発現するチロシンヒドロキシラーゼ等の遺伝子のプロモーター/エンハンサーの制御下で蛍光蛋白質を発現するレポーター遺伝子を細胞集団の各細胞に導入し、蛍光を発する細胞を分離することにより、ドーパミン産生ニューロンを生きたまま可視化して濃縮・分離、または同定
15 する方法(特開 2002-51775 号公報)が提案されている。この方法は、外来遺伝子の導入という工程を不可欠とするものであり、さらに、遺伝子治療に用いることを目的とする場合、レポーター遺伝子の存在は毒性、免疫原性の面からも問題である。

発明の開示

20 現時点での PD 移植治療における大きな問題の一つは、中絶胎児の中脳腹側領域あるいは *in vitro* で分化誘導したドーパミン産生ニューロン前駆細胞は、いずれも多種の細胞の混合物である点である。神経回路形成における安全性を考えると、目的の細胞種のみを分離してから用いるのが望ましく、また腫瘍形成の危険性を考慮すれば、分裂停止後の神経細胞を分離してから使用することが良いと考えら
25 れる。さらに、細胞の移植先の脳内での生存や、正しくネットワーク形成する能力を考えると、より早期の前駆細胞を分離することにより治療効果を増大させ得

- 4 -

ると期待される。そこで、本発明者は、ドーパミン産生ニューロン前駆細胞特異的な遺伝子の単離を試みた。

ドーパミン産生ニューロン前駆細胞特異的な遺伝子を単離するために、E12.5 マウス中脳腹側と背側の RNA を用いてサブトラクション法(N-RDA; representation
5 al difference analysis 法; RDA 法(Listsyn NA (1995) Trends Genet. 11:303-7) を改良(「DNA 断片の量の均一化方法及びサブストラクション法」特願 2001-18475 7 (出願日 2001/6/19))により発現に差のある遺伝子を増幅し、増幅された遺伝子の配列解析を行った。その結果、新規遺伝子として 65B13 が得られた。該遺伝子の全長配列を RACE 法により決定した結果、2つのアルタナティブアイソフォーム
10 が得られ、各々、65B13-a 及び 65B13-b と名付けた。夫々の塩基配列を配列番号: 1 及び 2 として、そして、各塩基配列によりコードされる蛋白質のアミノ酸配列を配列番号: 3 及び 4 として記載する(図 1~4)。

そして、これらの遺伝子を用いた *in situ* ハイブリダイゼーションによる発現解析の結果と、脊髄における増殖マーカーである Ki67 及び成熟マーカーである N
15 CAM と比較した結果得られた発現パターンから、65B13 は分裂停止直後の神経前駆細胞で一過性に発現するものと考えられた。さらに、中脳での発現をドーパミン産生ニューロンのマーカー遺伝子であるチロシンヒドロキシラーゼ(tyrosine hydroxylase; TH)の発現と比較したところ背-腹軸方向での発現領域が完全に一致しており、65B13 は、中脳では分裂停止直後のドーパミン産生ニューロン前駆細胞
20 に特異的、且つ一過性に発現すると考えられた(図 10 及び 11)。

また、*in situ* ハイブリダイゼーションの結果は、抗 65B13 抗体を用いる免疫染色により裏付けられた(図 13)。さらに、抗 65B13 抗体を用いたフローサイトメトリーにより 65B13 発現細胞の集団を効率的に分離することができた(図 14)。

上述の結果から、抗 65B13 抗体を用いることにより、中脳腹側領域または *in v*
25 *itro* で分化誘導したドーパミン産生ニューロンを含む培養培地から、65B13 発現細胞を分離することにより純粋な初期のドーパミンニューロン前駆細胞を得るこ

- 5 -

- とができるものと考えられる。そして、このようにして得られた細胞は、分裂停止後の前駆細胞のみが分離されたものであり、且つ目的の細胞種のみが分離されていることから、移植治療に用いた場合であっても安全性が高く、また、最も初期の前駆細胞が用いられることから生存率、ネットワーク形成能等の面でも高い治療効果が期待される。また、分裂直後の初期の前駆細胞で最高の治療効果が得られず、細胞を成熟した状態で利用することが求められる場合であっても、本方法により得られた初期の前駆細胞を *in vitro* で最適な分化段階へ培養により成熟させればよいことから、目的とする移植治療に適した分化段階の材料を容易に調製することが可能となる(図 12)。
- 10 さらに、純粋なドーパミン産生ニューロン前駆細胞は、ドーパミン産生ニューロン前駆細胞及び前駆細胞からニューロンまでの各成熟段階に特異的な遺伝子の単離、PD 治療のターゲット探索等にも有効である。また、本発明の方法により、最も初期の前駆細胞が得られることから、ドーパミン産生ニューロンの成熟過程の解明、成熟を指標としてスクリーニング系等へ利用することもできる。
- 15 より具体的には、本発明は
- [1] 分裂停止直後のドーパミン産生ニューロン前駆細胞に特異的に発現する 65B 13 ポリペプチド、またはその抗原性断片をコードする以下の(1)～(4)のヌクレオチド配列から選択される配列を含むポリヌクレオチド。
- (1) 配列番号:1 の 177 から 2280 番目の塩基、若しくは配列番号:2 の 127 番
20 目から 2079 番目の塩基を含む核酸配列、または該核酸配列に相補的な配列
- (2) 配列番号:3 若しくは 4 記載のアミノ酸配列をコードする核酸配列、または該核酸配列に相補的な配列
- (3) 配列番号:3 若しくは 4 記載のアミノ酸配列においてシグナル配列部分を
25 欠く配列をコードする核酸配列、または該核酸配列に相補的な配列
- (4) 配列番号:3 または 4 記載のアミノ酸配列において 1 若しくは複数個のア

- 6 -

ミノ酸が欠失、挿入、置換、または付加されたアミノ酸配列をコードする核酸配列、または該核酸配列に相補的な配列

(5) 上記(1)の配列に対してストリンジェントな条件下でハイブリダイズする核酸配列、

- 5 [2] [1]記載のポリヌクレオチドを含むベクター、
- [3] [1]記載のポリヌクレオチドまたは[2]記載のベクターを含む宿主細胞、
- [4] [1]記載のポリヌクレオチドによりコードされるポリペプチド、
- [5] [4]記載のポリペプチドの断片であり、少なくとも8アミノ酸残基を有するポリペプチド断片、
- 10 [6] [4]記載のポリペプチド、または[5]記載のポリペプチド断片に対する抗体、
- [7] [5]記載のポリペプチド断片をコードするヌクレオチド鎖、
- [8] ドーパミン産生ニューロンを選択する方法であり、[6]記載の抗体とドーパミン産生ニューロン前駆細胞を含むと考えられる細胞試料とを接触させる工程を含む方法、
- 15 [9] ドーパミン産生ニューロンを選択する方法であり、[4]記載のポリペプチドの少なくとも細胞外領域部分を含むペプチドとドーパミン産生ニューロン前駆細胞を含むと考えられる細胞試料とを接触させる工程を含む方法、
- [10] [8]または[9]記載の方法により選択された分裂停止直後のドーパミン産生ニューロン前駆細胞、
- 20 [11] ドーパミン産生ニューロン前駆細胞特異的遺伝子及び前駆細胞からドーパミン産生ニューロンへの各成熟段階に特異的な遺伝子の単離方法であって、
- [10]記載の前駆細胞または該前駆細胞から分化、誘導若しくは増殖された細胞を用い、該細胞において特異的に発現している遺伝子を検出、単離する工程を含む方法、並びに
- 25 [12] 成熟を指標としたスクリーニング方法であり、[10]記載の前駆細胞に対し、被験物質を接触させる工程、及び接触による前駆細胞の分化または増殖を

- 7 -

検出する工程を含む方法、
に関する。

<ポリヌクレオチド>

- 5 本発明のポリヌクレオチドは、ドーパミン産生ニューロン前駆細胞を選択するの
のに用いることができる抗体を作成する際の抗原を遺伝子工学的手法により得る
際に使用することができる。本発明のポリヌクレオチドは、分裂停止直後のドー
パミン産生ニューロン前駆細胞に特異的に発現する 65B13 ポリペプチドをコード
する、配列番号:1(図1及び2)の177から2280番目の塩基、若しくは配列番号:2
10 (図3及び4)の127番目から2079番目までの塩基を含む核酸配列、または該核酸
配列に相補的な配列を含むものである。

ここで、「ポリヌクレオチド」とは、複数のデオキシリボ核酸(DNA)またはリボ
核酸(RNA)等の塩基または塩基対からなる重合体を指し、DNA、cDNA、ゲノムDNA、
化学合成DNA及びRNAを含む。また、天然以外の塩基、例えば、4-アセチルシチ
15 ジン、5-(カルボキシヒドロキシメチル)ウリジン、2'-O-メチルシチジン、5-カル
ボキシメチルアミノメチル-2-チオウリジン、5-カルボキシメチルアミノメチル
ウリジン、ジヒドロウリジン、2'-O-メチルプソイドウリジン、 β -D-ガラクトシ
ルキューオシン、2'-O-メチルグアノシン、イノシン、N6-イソペンテニルアデノ
シン、1-メチルアデノシン、1-メチルプソイドウリジン、1-メチルグアノシン、
20 1-メチルイノシン、2,2-ジメチルグアノシン、2-メチルアデノシン、2-メチルグ
アノシン、3-メチルシチジン、5-メチルシチジン、N6-メチルアデノシン、7-メチ
ルグアノシン、5-メチルアミノメチルウリジン、5-メトキシアミノメチル-2-チオ
ウリジン、 β -D-マンノシルキューオシン、5-メトキシカルボニルメチル-2-チオ
ウリジン、5-メトキシカルボニルメチルウリジン、5-メトキシウリジン、2-メチ
25 ルチオ-N6-イソペンテニルアデノシン、N-((9- β -D-リボフラノシル-2-メチルリ
オプリン-6-イル)カルバモイル)トレオニン、N-((9- β -D-リボフラノシルプリン-

6-イル)N-メチルカルバモイル)トレオニン、ウリジン-5-オキシ酢酸-メチルエステル、ウリジン-5-オキシ酢酸、ワイプトキソシン、プソイドウリジン、キューオシン、2-チオシチジン、5-メチル-2-チオウリジン、2-チオウリジン、4-チオウリジン、5-メチルウリジン、N-((9-β-D-リボフラノシルプリン-6-イル)カルバモイル)トレオニン、2'-O-メチル-5-メチルウリジン、2'-O-メチルウリジン、ワイ
5 ブトシン、3-(3-アミノ-3-カルボキシプロピル)ウリジン等を必要に応じて含むポリヌクレオチドも包含する。

さらに、本発明のポリヌクレオチドは、分裂停止直後のドーパミン産生ニューロン前駆細胞に特異的に発現する 65B13 ポリペプチドをコードする、配列番号 3:
10 若しくは 4(各々図 1、2 若しくは図 3、4、または図 5 参照)記載のアミノ酸配列をコードする核酸配列、または該核酸配列に相補的な配列を含む。このようなアミノ酸配列をコードする核酸配列は、配列番号:1 及び 2 に記載された核酸配列に加えて、遺伝子暗号の縮重により配列番号:1 及び 2 記載の配列とは異なる核酸配列を含むものである。本発明のポリヌクレオチドを遺伝子工学的な手法によりポリ
15 ペプチドを発現させるのに用いる場合、使用する宿主のコドン使用頻度を考慮して、発現効率の高いヌクレオチド配列を選択し、設計することができる(Grantham et al. (1981) Nucleic Acids Res. 9: 43-74)。本発明のポリヌクレオチドはまた、配列番号:3 または 4 記載のアミノ酸配列において、シグナル配列部分を欠く配列をコードする核酸配列を含むものを包含する。配列番号:3 及び 4 記載のア
20 ノ酸配列では、最初の 17 アミノ酸残基がシグナル配列に該当する。

本発明のポリヌクレオチドは、さらに、分裂停止直後のドーパミン産生ニューロン前駆細胞に特異的に発現する 65B13 ポリペプチド、またはその抗原性断片をコードする、配列番号:3 若しくは 4 のアミノ酸配列において 1 若しくは複数個のアミノ酸が欠失、挿入、置換または付加されたアミノ酸配列をコードする核酸配
25 列、または該核酸配列に相補的な配列を含む。1 若しくは複数個のアミノ酸が欠失、挿入、置換または付加されたアミノ酸配列からなる変異ポリペプチドで、元

- 9 -

のポリペプチドと同じ生物学的活性が維持されることは公知である (Mark et al. (1984) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 81: 5662-6; Zoller and Smith (1982) Nucleic Acids Res. 10: 6487-500; Wang et al. (1984) Science 224: 1431-3; Dalbadie-McFarland et al. (1982) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 79: 6409-13)。

- 5 ここで、アミノ酸の置換とは、配列中のアミノ酸残基の一つ以上が、異なる種類のアミノ酸残基に変えられた変異を意味する。このような置換により本発明のポリヌクレオチドによりコードされるアミノ酸配列を改変する場合、蛋白質の機能を保持することが必要な場合には、保存的な置換を行うことが好ましい。保存的な置換とは、置換前のアミノ酸と似た性質のアミノ酸をコードするように配列
- 10 を変化させることである。アミノ酸の性質は、例えば、非極性アミノ酸 (Ala, Ile, Leu, Met, Phe, Pro, Trp, Val)、非荷電性アミノ酸 (Asn, Cys, Gln, Gly, Ser, Thr, Tyr)、酸性アミノ酸 (Asp, Glu)、塩基性アミノ酸 (Arg, His, Lys)、中性アミノ酸 (Ala, Asn, Cys, Gln, Gly, Ile, Leu, Met, Phe, Pro, Ser, Thr, Trp, Tyr, Val)、脂肪族アミノ酸 (Ala, Gly)、分枝アミノ酸 (Ile, Leu, Val)、ヒドロキシ
- 15 シアミノ酸 (Ser, Thr)、アミド型アミノ酸 (Gln, Asn)、含硫アミノ酸 (Cys, Met)、芳香族アミノ酸 (His, Phe, Trp, Tyr)、複素環式アミノ酸 (His, Trp)、イミノ酸 (Pro, 4Hyp) 等に分類することができる。中でも、Ala、Val、Leu 及び Ile の間、Ser 及び Thr の間、Asp 及び Glu の間、Asn 及び Gln の間、Lys 及び Arg の間、Phe 及び Tyr の間の置換は、蛋白質の性質を保持する置換として好ましい。変異され
- 20 るアミノ酸の数及び部位は特に制限されず、該ポリヌクレオチドによりコードされるアミノ酸が 65B13 の抗原性を有していれば良い。

このような配列番号:3 または 4 のアミノ酸配列において 1 若しくは複数個のアミノ酸が欠失、挿入、置換または付加されたアミノ酸配列をコードするポリヌクレオチドは、『Molecular Cloning, A Laboratory Manual 2nd ed.』(Cold Spring Harbor Press (1989))、『Current Protocols in Molecular Biology』(John Wiley & Sons (1987-1997); 特に Section 8.1-8.5)、Hashimoto-Goto et al. (1995)

25

- 10 -

Gene 152: 271-5、Kunkel (1985) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 82: 488-92、Kramer and Fritz (1987) Method. Enzymol. 154: 350-67、Kunkel (1988) Method. Enzymol. 85: 2763-6 等に記載の部位特異的変異誘発法等の方法に従って調製することができる。

- 5 さらに、本発明のポリヌクレオチドは、分裂停止直後のドーパミン産生ニューロン前駆細胞に特異的に発現する 65B13 ポリペプチド、またはその抗原性断片をコードする、配列番号:1 の 177 から 2280 番目の塩基、若しくは配列番号:2 の 127 番目から 2079 番目の塩基を含む核酸配列または該核酸配列に相補的な配列に対してストリンジントな条件下でハイブリダイズする核酸配列、を含むポリヌクレオチドである。本発明の実施例では、配列番号:1 及び 2 記載の 2 種類の配列を有する 65B13 のアイソフォームが得られているが、その他にもアルタナティブアイソフォーム、及びアレリック変異体が存在する可能性があり、そのようなアイソフォームやアレリック変異体も本発明のポリペプチドに含まれる。このようなポリヌクレオチドは、配列番号:1 の 177 から 2280 番目の塩基、または配列番号:2 の 127 番目から 2079 番目の塩基を含む核酸配列からなるポリヌクレオチドをプローブとして、コロニーハイブリダイゼーション、ブランクハイブリダイゼーション、サザンロット等の公知のハイブリダイゼーション法により、ヒト、マウス、ラット、ウサギ、ハムスター、ニワトリ、ブタ、ウシ、ヤギ、ヒツジ等の動物の cDNA ライブラリー及びゲノムライブラリーから得ることができる。cDNA ライブラリーの作成方法については、『Molecular Cloning, A Laboratory Manual 2nd ed.』(Cold Spring Harbor Press (1989))を参照することができる。また、市販の cDNA ライブラリー及びゲノムライブラリーを用いてもよい。
- 10
15
20

- より具体的に、cDNA ライブラリーの作製においては、まず、本発明のポリヌクレオチドを発現する細胞、臓器、組織等からグアニジン超遠心法(Chirwin et al. (1979) Biochemistry 18: 5294-9)、AGPC 法(Chomczynski and Sacchi (1987) Anal. Biochem. 162: 156-9)等の公知の手法により全 RNA を調製し、mRNA Purific
- 25

- 11 -

ation Kit (Pharmacia)等を用いて mRNA を精製する。QuickPrep mRNA Purification Kit (Pharmacia)のような、直接 mRNA を調製するためのキットを利用してもよい。次に得られた mRNA から逆転写酵素を用いて cDNA を合成する。AMV Reverse Transcriptase First-strand cDNA Synthesis Kit (生化学工業)のような cDNA 合成のためのキットも市販されている。その他の方法として、cDNA は PCR を利用した 5' -RACE 法 (Frohman et al. (1988) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85: 8998-9002; Belyavsky et al. (1989) Nucleic Acids Res. 17: 2919-32)により合成、及び増幅させてもよい。また、全長率の高い cDNA ライブラリーを作製するために、オリゴキャップ法 (Maruyama and Sugano (1994) Gene 138: 171-4; Suzuki (1997) Gene 200: 149-56)等の公知の手法を採用することもできる。上述のようにして得られた cDNA は、適当なベクター中に組み込む。

本発明におけるハイブリダイゼーション条件としては、例えば「2×SSC、0.1% SDS、50℃」、「2×SSC、0.1% SDS、42℃」、「1×SSC、0.1% SDS、37℃」、よりストリンジেন্টな条件としては、例えば「2×SSC、0.1% SDS、65℃」、「0.5×SSC、0.1% SDS、42℃」、「0.2×SSC、0.1% SDS、65℃」等の条件を挙げることができる。より詳細には、Rapid-hyb buffer (Amersham Life Science)を用いた方法として、68℃で30分以上プレハイブリダイゼーションを行った後、プローブを添加して1時間以上68℃に保ってハイブリッド形成させ、その後、2×SSC、0.1% SDS 中、室温で20分の洗浄を3回、1×SSC、0.1% SDS 中、37℃で20分の洗浄を3回、最後に、1×SSC、0.1% SDS 中、50℃で20分の洗浄を2回行うことも考えられる。その他、例えば Expresshyb Hybridization Solution (CLONTECH) 中、55℃で30分以上プレハイブリダイゼーションを行い、標識プローブを添加し、37～55℃で1時間以上インキュベートし、2×SSC、0.1% SDS 中、室温で20分の洗浄を3回、1×SSC、0.1% SDS 中、37℃で20分の洗浄を1回行うこともできる。ここで、例えば、プレハイブリダイゼーション、ハイブリダイゼーションや2度目の洗浄の際の温度を上げることにより、よりストリンジেন্টな条件とすることができ

- 12 -

る。例えば、プレハイブリダイゼーション及びハイブリダイゼーションの温度を60℃、さらにストリンジェントな条件としては68℃とすることができる。当業者であれば、このようなバッファの塩濃度、温度等の条件に加えて、その他のプローブ濃度、プローブの長さ、反応時間等の諸条件を加味し、本発明の実施例に
5 おいて得られたマウス 65B13 のアイソフォーム、アレリック変異体、及び対応する他種生物由来の遺伝子を得るための条件を設定することができる。

ハイブリダイゼーション法の詳細な手順については、『Molecular Cloning, A Laboratory Manual 2nd ed.』(Cold Spring Harbor Press (1989);特に Section9. 47-9.58)、『Current Protocols in Molecular Biology』(John Wiley & Sons
10 (1987-1997);特に Section6.3-6.4)、『DNA Cloning 1: Core Techniques, A Practical Approach 2nd ed.』(Oxford University (1995);条件については特に Section2.10)等を参照することができる。ハイブリダイズするポリヌクレオチドとしては、配列番号:1 の177 から2280 番目の塩基、または配列番号:2 の127 番目から2079 番目の塩基を含む核酸配列に対して少なくとも50%以上、好ましくは7
15 0%、さらに好ましくは80%、より一層好ましくは90%(例えば、95%以上、さらには99%)の同一性を有する核酸配列を含むポリヌクレオチドが挙げられる。このような同一性は、BLAST アルゴリズム(Altschul (1990) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 87: 2264-8; Karlin and Altschul (1993) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 90: 5873-7)によって決定することができる。このアルゴリズムに基づいたプログラムとして、アミノ酸配列についての同一性を決定するプログラムとしては BLASTX、ヌクレオチド配列については BLASTN(Altschul et al. (1990) J. Mol. Biol.
20 215: 403-10)等が開発されており、本発明の配列に対して使用することができる。具体的な解析方法については、例えば、<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>等を参照することができる。

25 その他、遺伝子増幅技術(PCR)(Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons (1987) Section 6.1-6.4)により、65B13 のアイソフォームやア

- 13 -

レリック変異体等、65B13 と類似した構造及び機能を有する遺伝子を、配列番号：1 及び 2 に記載のヌクレオチド配列を基にプライマーを設計し、ヒト、マウス、ラット、ウサギ、ハムスター、ニワトリ、ブタ、ウシ、ヤギ、ヒツジ等の動物の cDNA ライブラリー及びゲノムライブラリーから得ることができる。

- 5 例えば、BLAST サーチの結果、本発明のマウス 65B13 のヌクレオチド配列に対して 84% の同一性を有する 3 つの機能不明のヒト配列 (GenBank Accession No.: XM_048304, AL136654, BC007312; 各ヌクレオチド配列を配列番号: 5、7、9、また該ヌクレオチド配列から予測されるアミノ酸配列を配列番号: 6、8、10 として記載する) は、マウス 65B13 に対するヒトホモログであると考えられる。このような
- 10 ヒトホモログは、本発明の方法により、ヒトドーパミン産生ニューロン前駆細胞の選択に使用することができる。これらの配列は、記録されている情報から、全て第 19 染色体上の同じ遺伝子由来の配列と考えられる。そのうち、配列番号: 7 に示す AL136654 と配列番号: 9 に示す BC007312 の 2 つは cDNA 断片であり、もう一つの配列番号: 5 に示す XM_048304 は、ゲノム配列から予測された mRNA 配列と
- 15 考えられた。これらの予測配列には、本発明の 65B13 とほぼ同じ大きさの ORF があり、予測されたアミノ酸配列の 65B13 との同一性は 84% であった。

- 本発明のポリヌクレオチドの塩基配列の確認は、慣用の方法により配列決定することにより行うことができる。例えば、ジデオキシヌクレオチドチェーンターミネーション法 (Sanger et al. (1977) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 74: 5463)
- 20 等により行うことができる。また、適当な DNA シークエンサーを利用して配列を解析することも可能である。

<ヌクレオチド鎖>

- さらに、本発明により、本発明のポリヌクレオチドに相補的な、少なくとも 15
- 25 塩基からなるヌクレオチド鎖が提供される。ここで「相補的な配列」とは、ヌクレオチド配列中の少なくとも 15 個の連続した塩基が鋳型に対して完全に対になっ

- 14 -

ている場合のみならず、そのうちの少なくとも70%、好ましくは80%、より好ましくは90%、さらに好ましくは95%以上(例えば、97%または99%)が対になっているものも含む。対になっているとは、鋳型となるポリヌクレオチドの塩基配列中のAに対しT(RNAの場合はU)、TまたはUに対しA、Cに対しG、そしてGに
5 対しCが対応して鎖が形成されていることを意味する。そして相同性は、上述のハイブリダイズするポリヌクレオチドの場合と同様の方法で決定することができる。

このような本発明のヌクレオチド鎖は、本発明のポリヌクレオチドを検出または単離するためのプローブ、増幅するためのプライマーとして利用することができる。通常、プローブとして使用する場合には15~100、好ましくは15~35個の塩基より構成されていることが望ましく、プライマーとして使用する場合には、
10 少なくとも15、好ましくは30個の塩基より構成されていることが望ましい。プライマーの場合には、3'末端側の領域を標的とする配列に対して相補的な配列に、5'末端側には制限酵素認識配列、タグ等を付加した形態に設計することができる。

15 本発明のヌクレオチド鎖は、本発明のポリヌクレオチドに対してハイブリダイズすることができる。さらに、これらのプローブまたはプライマーを用いて、細胞内における本発明のポリヌクレオチドの変異を検出することができる。このような変異は、場合により本発明のポリペプチドの活性、または発現の異常を引き起こすものであることから、疾病の診断等に有用と考えられる。

20 また、本発明のヌクレオチド鎖には、本発明のポリヌクレオチドの細胞内における発現を mRNA または DNA に対して結合することにより抑制するアンチセンス核酸、及び、mRNA を特異的に開裂することにより阻止するリボザイムが含まれる。

アンチセンスが標的遺伝子の発現抑制作用の機構としては、(1)3重鎖形成による転写開始阻害、(2)RNAポリメラーゼにより形成される局所的開状ループ構造部位とのハイブリッド形成による転写抑制、(3)合成中のRNAとのハイブリッド形成
25 による転写阻害、(4)イントロン-エキソン接合点におけるハイブリッド形成によ

- 15 -

- るスプライシング抑制、(5)スプライソソーム形成部位とのハイブリッド形成によるスプライシング抑制、(6)mRNA とのハイブリッド形成による、mRNA の細胞質への移行抑制、(7)キャッピング部位またはポリ A 付加部位とのハイブリッド形成によるスプライシング抑制、(8)翻訳開始因子結合部位とのハイブリッド形成による
- 5 翻訳開始抑制、(9)リボソーム結合部位とのハイブリッド形成による翻訳抑制、(10)mRNA 翻訳領域またはポリソーム結合部位とのハイブリッド形成によるペプチド鎖の伸長抑制、並びに(11)核酸と蛋白質の相互作用部位とのハイブリッド形成による遺伝子発現抑制が挙げられる(平島及び井上『新生化学実験講座 2 核酸 IV 遺伝子の複製と発現』日本生化学会編、東京化学同人、pp. 319-347 (1993))。
- 10 本発明のヌクレオチド鎖に含まれるアンチセンス核酸は、上述の(1)~(11)のどの機構により遺伝子発現を抑制する核酸であってもよく、即ち、発現を阻害する目的の遺伝子の翻訳領域のみならず、非翻訳領域の配列に対するアンチセンス配列を含むものであってもよい。アンチセンス核酸をコードする DNA は、その発現を可能とする適当な制御配列下に連結して使用され得る。アンチセンス核酸は、
- 15 標的とする遺伝子の翻訳領域または非翻訳領域に対して完全に相補的である必要はなく、効果的に該遺伝子の発現を阻害するものであればよい。このようなアンチセンス核酸としては、少なくとも 15bp 以上、好ましくは 100bp 以上、さらに好ましくは 500bp 以上であり通常 3000bp 以内、好ましくは 2000bp 以内、より好ましくは 1000bp 以内の鎖長を有し、標的遺伝子の転写産物の相補鎖に対して好まし
- 20 くは 90%以上、より好ましくは 95%以上同一である。このようなアンチセンス核酸は、本発明のポリヌクレオチドを基に、ホスホロチオネート法(Stein (1988) Nucleic Acids Res. 16: 3209-21)等により調製することができる。

- リボザイムとは、RNA を構成成分とする触媒の総称であり、大きくラージリボザイム(large ribozyme)及びスモールリボザイム(small liboyme)に分類される。
- 25 ラージリボザイムは、核酸のリン酸エステル結合を切断し、反応後に 5' -リン酸と 3' -ヒドロキシル基を反応部位に残す酵素である。ラージリボザイムは、さら

- 16 -

に(1)グアノシンによる5'-スプライス部位でのトランスエステル化反応を行うグループ I イントロン RNA、(2)自己スプライシングをラリアット構造を経る二段階反応で行うグループ II イントロン RNA、及び(3)加水分解反応による tRNA 前駆体を5'側で切断するリボヌクレアーゼ P の RNA 成分に分類される。それに対し

5 て、スモールリボザイムは、比較的小さな構造単位(40bp程度)であり、RNAを切断して、5'-ヒドロキシル基と2'-3'環状リン酸を生じさせる。スモールリボザイムには、ハンマーヘッド型(Koizumi et al. (1988) FEBS Lett. 228: 225)、ヘアピン型(Buzayan (1986) Nature 323: 349; Kikuchi and Sasaki (1992) Nucleic Acids Res. 19: 6751; 菊地洋(1992)化学と生物 30: 112)等のリボザイムが

10 含まれる。リボザイムは、改変及び合成が容易になため多様な改良方法が公知であり、例えば、リボザイムの基質結合部を標的部位の近くの RNA 配列と相補的となるように設計することにより、標的 RNA 中の塩基配列 UC、UU または UA を認識して切断するハンマーヘッド型リボザイムを作ることができる(Koizumi et al. (1988) FEBS Lett. 228: 225; 小泉誠及び大塚栄子(1990)蛋白質核酸酵素 35: 21

15 91; Koizumi et al. (1989) Nucleic Acids Res. 17: 7059)。ヘアピン型のリボザイムについても、公知の方法に従って設計、製造が可能である(Kikuchi and Sasaki (1992) Nucleic Acids Res. 19: 6751; 菊地洋(1992)化学と生物 30: 112)。

本発明のヌクレオチド鎖に含まれるアンチセンス核酸及びリボザイムは、細胞内における遺伝子の発現を制御するために、レトロウイルス、アデノウイルス、

20 アデノ随伴ウイルス等のウイルス由来のベクター、リボソーム等を利用した非ウイルスベクター、または naked DNA として *ex vivo* 法または *in vivo* 法により遺伝子治療に用いることもできる。

本発明のヌクレオチド鎖の塩基配列の確認は、上述のポリヌクレオチドと同様の方法により行うことができる。

25

<ベクター>

- 17 -

本発明により、本発明のポリヌクレオチドを含むベクターが提供される。本発明のベクターは、本発明のポリヌクレオチドを宿主細胞内に保持したり、該ポリヌクレオチドにコードされるポリペプチドを発現させたりするのに有用である。本ベクターには、プラスミド、コスミド、ウイルス、バクテリオファージ、クローニング用ベクター、発現ベクター等の種々のベクターが含まれる (Molecular Cloning, A Laboratory Manual 2nd ed., Cold Spring Harbor Press (1989); Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons (1987))。好ましい態様においては、ベクターを導入した宿主細胞内で本発明のポリヌクレオチドが発現されるように制御配列下に結合する。ここで「制御配列」とは、宿主細胞が原核生物であればプロモーター、リボソーム結合部位、及びターミネーターを含み、真核生物の場合は、プロモーター及びターミネーターであり、場合によってトランスアクチベーター、転写因子、転写物を安定化するポリ A シグナル、スプライシング及びポリアデニル化シグナル等が含まれる。このような制御配列は、それに連結されたポリヌクレオチドの発現に必要とされるすべての構成成分を含むものである。また、本発明のベクターは、好ましくは選択可能なマーカーを含む。さらに、細胞内で発現されたポリペプチドを小胞体内腔、グラム陰性菌を宿主とする場合ペリプラズム内、または細胞外へと移行させるために必要とされるシグナルペプチドを目的のポリペプチドに付加するようにして発現ベクターへ組み込むこともできる。このようなシグナルペプチドは、天然において 65B13 に付加している 17 アミノ酸残基からなる、または異種蛋白質由来のシグナルペプチドであってもよい。さらに、必要に応じリンカーの付加、開始コドン (ATG)、終止コドン (TAA、TAG または TGA) の挿入を行ってもよい。

本発明のベクターは、好ましくは発現ベクターである。「発現ベクター」とは、*in vitro* で、目的とする宿主細胞内で発現ベクター中にコードされるポリペプチドを発現することができる構築物を指す。クローニングベクター、バイナリーベクター、インテグレイティングベクター等が本発明の発現ベクターに含まれる。

- 18 -

発現の過程には、発現ベクター中のコード配列の翻訳可能な mRNA への転写、及び mRNA から本発明のポリペプチドへの翻訳、さらに場合によっては発現されたポリペプチドの小胞体内腔、ペリプラズムまたは細胞外への分泌が含まれる。

- in vitro*におけるポリペプチドの発現を可能にするベクターとしては、pBEST (Promega)を例示することができる。また、*E. coli*等の原核細胞宿主における発現を可能にするプロモーターとしては P_L 、*araB*(Better et al. (1988) Science 240: 1041-3)、*lacZ*(Ward et al. (1989) Nature 341: 544-6; Ward et al. (1992) FASEB J. 6: 2422-7)、*trp*、*tac*、*trc*(*lac* と *trp* の融合)等のプロモーターが挙げられる。また、*trpA* 由来、ファージ由来、*rrnB* リボソーマル RNA 由来ターミネーターが、利用可能である。さらに、大腸菌用のベクターは、好ましくはベクターを宿主内で増幅するための「ori」、及び形質転換された宿主を選抜するためのマーカー遺伝子を持つ。アンピシリン、テトラサイクリン、カナマイシン、及びクロラムフェニコール等の薬剤により宿主の判別を行うことを可能にする薬剤耐性遺伝子の使用が好ましい。特に、ポリペプチドをペリプラズムへ分泌させることを目的とする場合、*pelB* シグナル配列(Lei et al. (1987) J. Bacteriol. 169: 4379)を使用することができる。例えば、M13 系ベクター、pUC 系ベクター、pBR322、pCR-Script、pGEX-5X-1(Pharmacia)、pEGFP、pBluescript(Stratagene)、pET(Invitrogen;この場合の宿主は T7 ポリメラーゼを発現している BL21 が好ましい)等のベクターを挙げることもできる。また、特にサブクローニングまたは切出し用のベクターとしては、pGEM-T、pDIRECT、pT7等を例示できる。

- 大腸菌以外の細菌宿主用としては、バチルス属のものが挙げられ、pUB110系、pc194系のベクターが例示される。より具体的に、枯草菌由来のpPL608、pKTH50等を挙げることもできる。その他、*Pseudomonas putida*、*Pseudomonas cepacia*等のシュードモナス属、*Brevibacterium lactofermentum*等のブレヴィバクテリウム属(pAJ43(Gene 39: 281 (1985))等)、*Corynebacterium glutamicum*等のコリネバクテリウム属(pCS11(特開昭 57-183799 号公報; pCB101(Mol. Gen. Genet. 196:

- 19 -

- 175 (1984))等)、ストレプトコッカス属(pHV1301(FEMS Microbiol. Lett. 26: 2
39 (1985)), pGK1(Appl. Environ. Microbiol. 50: 94 (1985))等)、ラクトバチ
ルス属(pAM β 1(J. Bacteriol. 137: 614 (1979))等)、*Rhodococcus rhodochrous*
等のロドコッカス属(J. Gen. Microbiol. 138: 1003 (1992))、*Streptomyces liv*
5 *idans*、*Streptomyces virginiae*等の ストレプトマイセス属(Genetic Manipulat
ion of Streptomyces: A Laboratory Manual, Hopwood et al., Cold Spring Har
bor Laboratories (1985)参照;pIJ486(Mol. Gen. Genet. 203: 468-78 (1986))、
pKC1064(Gene 103: 97-9 (1991))、pUWL-KS(Gene 165: 149-50 (1995)))の細菌を
宿主とするベクター系が開発されている。微生物を宿主として利用できるベクタ
10 ーについては、『微生物学基礎講座 8 遺伝子工学』(共立出版)等の文献を参照す
ることができる。ベクターを細菌宿主へ導入するための手法としては、塩化カル
シウム法(Mandel and Higa (1970) J. Mol. Biol. 53: 158-62; HAnahan (1983)
J. Mol. Biol. 166: 557-80)、エレクトポレーション法等を採用することができ
る。
- 15 また、真核細胞宿主での発現を可能にする調節要素は、酵母を宿主とする場合
には、AOX1 及び GAL1 プロモーターが例示される。酵母由来の発現ベクターとし
ては、Pichia Expression Kit (Invitrogen)、pNV11、SP-Q01 等が例示できる。
酵母で利用可能なベクターに関しては、Adv. Biochem. Eng. 43: 75-102 (1990)、
Yeast 8: 423-88 (1992)等に詳述されている。より具体的には、*Saccharomyces c*
20 *erevisiae*等のサッカロマイセス属では、YRp 系、YEp 系、YCp 系、及び YIp 系ベ
クターが利用可能である。特に、多コピーの遺伝子導入が可能であり、安定に遺
伝子を保持できるインテグレーションベクター(EP537456 等)が有用である。その
他、*Kluyveromyces lactis*等のクルイベロマイセス属では、*S. cerevisiae* 由来 2
 μ m 系ベクター、pKD1 系ベクター(J. Bacteriol. 145: 382-90 (1981))、pGK11
25 由来ベクター、クライベロマイセス自律増殖遺伝子 KARS 系ベクター等、シゾサッ
カロマイセス属では、Mol. Cell. Biol. 6: 80 (1986)に記載のベクター、pAUR22

- 20 -

4(宝酒造)、チゴサッカロマイセスでは pSB3(Nucleic Acids Res. 13: 4267 (1985))由来ベクター、*Pichia angusta*、*Pichia pastoris*等のピキア属では Yeast 7: 431-43 (1991)、Mol. Cell. Biol. 5: 3376 (1985)、Nucleic Acids Res. 15: 3859 (1987)等の文献記載のベクター、*Candida maltosa*、*C. albicans*、*C. tropicalis*、*C. utilis*等のキャンディダ属では、特開平 8-173170 号公報記載のベクター、また *C. maltosa* 由来の ARS(Agri. Biol. Chem. 51: 1587 (1987))を利用したベクター、*Aspergillus niger*、*A. oryzae*等のアスペルギルス属では、Trends in Biotechnology 7: 283-7 (1989)記載のベクター、トリコデルマ属では菌体外セルラーゼ遺伝子由来プロモーター(Bio/Technology 7: 596-603 (1989))を利用したベクターが利用できる。

哺乳動物及びその他の動物細胞を宿主とする場合には、アデノウイルス late プロモーター(Kaufman et al. (1989) Mol. Cell. Biol. 9: 946)、CAG プロモーター(Niwa et al. (1991) Gene 108: 193-200)、CMV immediate early プロモーター(Seed and Aruffo (1987) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 84: 3365-9)、EF1 α プロモーター(Mizushima et al. (1990) Nucleic Acids Res. 18: 5322; Kim et al. (1990) Gene 91: 217-23)、HSV TK プロモーター、SR α プロモーター(Takebe et al. (1988) Mol. Cell. Biol. 8: 466)、SV40 プロモーター(Mulligan et al. (1979) Nature 277: 108)、SV40 early プロモーター(Genetic Engineering Vol. 3, Williamson ed., Academic Press (1982) pp.83-141)、SV40 late プロモーター(Gheysen and Fiers (1982) J. Mol. Appl. Genet. 1: 385-94)、RSV(ラウス肉腫ウイルス)-LTR プロモーター(Cullen (1987) Methods Enzymol. 152: 684-704)、MMLV-LTR プロモーター、CMV エンハンサー、SV40 エンハンサー、及びグロビンイントロン等を使用することができる。さらに、ネオマイシン、G418等の薬剤による判別を可能とする薬剤耐性遺伝子がベクターに含まれていることが好ましい。

そして、細胞内で遺伝子のコピー数の増加を計る場合には、例えば核酸合成経路を欠損した CHO を宿主とし、その欠損を補う DHFR 遺伝子を有する pCHO1 等のベク

- 21 -

ターを採用し、メトトレキセート(MTX)によりコピー数を増幅させることができる。一方、遺伝子の一過性発現のためには、SV40のT抗原遺伝子を染色体上に有するCOS細胞を宿主とし、pcD等のSV40の複製起点、またはアデノウイルス、ウシバ
ピーローマウイルス(BPV)、ポリオーマウイルス等の複製開始点を持つベクターを
5 使用することができる。さらに、遺伝子コピー数の増幅のための選択マーカーと
して、アミノグリコシドトランスフェラーゼ(APH)、チミジンキナーゼ(TK)、キサ
ンチングアニンホスホリボシルトランスフェラーゼ(Ecogpt)、ジヒドロ葉酸還元
酵素(dhfr)等をコードする遺伝子を含んでもよい。適当なベクターとして、例え
ば、Okayama-Bergの発現ベクターpcDV1(Pharmacia)、pCDM8(Nature 329: 840-2
10 (1987))、pRc/CMV、pcDNA1、pcDNA3(Invitrogen)、pSPORT1(GIBCO BRL)、pSV2dhf
r(Mol. Cell. Biol. 1: 854-64 (1981))、pEF-BOS(Nucleic Acids Res. 18: 5322
(1990))、pCEP4(Invitrogen)、pMAM、pDR2、pBK-RSV、pBK-CMV、pOPRSV、pOP13、
pME18S(Mol. Cell. Biol. 8: 466-72 (1988))等が公知である。

特に動物の生体内において本発明のポリヌクレオチドを発現させるためには、p
15 Adexlcw等のアデノウイルスベクター、pZIPneo等のレトロウイルスベクターが挙
げられる。ベクターはアデノウイルス法、エレクトポレーション(電気穿孔)法(Cy
totechnology 3: 133 (1990))、カチオニックリボソーム法(カチオニックリボソ
ームDOTAP(Boehringer Mannheim)等)、正電荷ポリマーによる導入法、静電気型
リボソーム(electrostatic type liposome)法、内包型リボソーム(internal type
20 liposome)法、パーティクルガンを用いる方法、リボソーム法、リポフェクショ
ン(Proc. Natl. Acad. Sci. USA 84: 7413 (1987))、リン酸カルシウム法(特開平
2-227075)、レセプター介在遺伝子導入法、レトロウイルス法、DEAEデキストラ
ン法、ウイルス-リボソーム法(別冊実験医学『遺伝子治療の基礎技術』羊土社(19
97);別冊実験医学『遺伝子導入&発現解析実験法』羊土社(1997); J. Clin. Inve
25 st. 93: 1458-64 (1994); Am. J. Physiol. 271: R1212-20 (1996); Molecular M
edicine 30: 1440-8 (1993); 実験医学 12: 1822-6 (1994); 蛋白質核酸酵素 42:

- 22 -

1806-13 (1997); Circulation 92(Suppl. II): 479-82 (1995)), naked-DNA の直接導入法等により宿主に導入することができる。アデノウイルス及びレトロウイルス以外由来のウイルスベクター、例えば、アデノ随伴ウイルス、シンピスウイルス、センダイウイルス、トガウイルス、パラミクソウイルス、ボックスウイルス、ポリオウイルス、ヘルペスウイルス、レンチウイルス、ワクシニアウイルス等を元に作製されたベクターを利用することもできる。生体内への投与は、*ex vivo* 法でも *in vivo* 法で行ってもよい。

その他、昆虫発現システムも異種ポリペプチドを発現させる系として知られており、例えば、*Autographa californica* 核ポリヘドロシスウイルス (AcNPV) をベクターとし、*Spodoptera frugiperda* 細胞、または *Trichoplusia larvae* 細胞中で外来遺伝子を発現させることができる。この際、目的とする外来遺伝子は、ウイルスの非必須領域にクローニングする。例えば、ポリヘドリンプロモーター制御下に連結してもよい。この場合、ポリヘドリン遺伝子は不活化され、コート蛋白質を欠く組換えウイルスが産生され、該ウイルスに感染した *Spodoptera frugiperda* または *Trichoplusia larvae* 等の細胞中で目的とするポリペプチドが発現される (Smith (1983) J. Virol. 46: 584; Engelhard (1994) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 91: 3224-7)。その他、昆虫細胞由来の発現ベクターとして、Bac-to-BAC baculovirus expression system (Bigco BRL)、pBacPAK8 等も公知である。

植物細胞を宿主とする場合には、例えばカリフラワーモザイクウイルスの 35S プロモーター等を利用したベクターが使用可能である。植物細胞へのベクターの導入法としては、PEG 法、エレクトポレーション法、アグロバクテリウム法、パーティクルガン法等が公知である。

ベクターへの DNA の挿入は、制限酵素サイトを利用したりガーゼ反応により行うことができる (Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons (1987) Section 11.4-11.11; Molecular Cloning, A Laboratory Manual 2nd ed., Cold Spring Harbor Press (1989) Section 5.61-5.63)。

<宿主>

本発明により、本発明のポリヌクレオチドまたはベクターを含む宿主が提供される。本発明のポリペプチドの製造には、*in vitro* 及び *in vivo* の産生系が考えられる。本発明の宿主には、古細菌、細菌、真菌類、植物、昆虫、魚類、両生類、
5 ハ虫類、鳥類、哺乳類由来の原核及び真核細胞が含まれる。本発明の宿主は、本発明のポリペプチドをコードするポリヌクレオチドを細胞内に含むものである。該ポリヌクレオチドは、宿主細胞のゲノム上の天然に存在する位置になればよく、該ポリヌクレオチド自身のプロモーター支配下にあっても、ゲノム中に組み
10 込まれていても、染色体外の構造として保持されていても良い。

細菌宿主としては、*E. coli* (JM109, DH5 α , HB101, XL1Blue)、*Serratia marcescens*、*Bacillus subtilis* 等、エシェリシア属、ストレプトコッカス属、スタフィロコッカス属、セラチア属、バシルス属等に属するのグラム陽性及びグラム陰性細菌を例示することができる。

15 真核宿主には、酵母等の真菌類、高等植物 (*Nicotiana tabacum* 由来細胞)、昆虫 (ドロソフィラ S2、スポロドプテラ Sf9、Sf21、Tn5)、魚類、両生類 (アフリカツメガエル卵母細胞 (Valle et al. (1981) Nature 291: 358-40))、ハ虫類、鳥類、哺乳類 (CHO (J. Exp. Med. 108: 945 (1995); 中でも DHFR 遺伝子欠損 dhfr-CHO (Proc. Natl. Acad. Sci. USA 77: 4216-20 (1980) 及び CHO K-1 (Proc. Natl. Acad.
20 Sci. USA 60: 1275 (1968)) が好適である)、COS、Hela、C127、3T3、BHK、HEK293、Bowes メラノーマ細胞)、ミエローマ、Vero、Namalwa、Namalwa KJM-1、HBT5637 (特開昭 63-299 号公報))、植物 (ジャガイモ、タバコ、トウモロコシ、イネ、アブラナ、ダイズ、トマト、コムギ、オオムギ、ライ麦、アルファルファ、亜麻等) 等の細胞が含まれる。真菌類としては、*Saccharomyces* 属に属する *Saccharomyces*
25 *cerevisiae*、*Pichia* 属等の酵母に加えて、糸状菌の *Aspergillus* 属の *Aspergillus niger* 等の細胞を宿主とした発現系も公知である。

- 24 -

宿主細胞へのベクターの導入は、エレクトポレーション法(Chu et al. (1987) Nucleic Acids Res. 15: 1311-26)、カチオニックリポソーム法、電気パルス穿孔法(Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons (1987) Section 9.1-9.9)、微小ガラス管を使用した直接注入法、マイクロインジェクション法、
5 リポフェクション(Derijard (1994) Cell 7: 1025-37; Lamb (1993) Nature Genetics 5: 22-30; Rabindran et al. (1993) Science 259: 230-4)、リポフェクタミン法(GIBCO-BRL)、リン酸カルシウム法(Chen and Okayama (1987) Mol. Cell. Biol. 7: 2745-52)、DEAE デキストラン法(Lopata et al. (1984) Nucleic Acids Res. 12: 5707-17; Sussman and Milman (1985) Mol. Cell. Biol. 4: 1642-3)、
10 FuGene6 試薬(Boehringer-Mannheim)等により行い得る。

<ポリペプチド及びその断片>

本発明の「ポリペプチド」は、本発明のポリヌクレオチドによりコードされるペプチド重合体である。配列番号:3 または 4 記載のアミノ酸配列を有する蛋白質
15 を好ましい例として挙げることができる。本発明のポリペプチドを構成するアミノ酸残基は天然に存在するものでも、また修飾されたものであっても良い。アミノ酸残基の修飾としては、アシル化、アセチル化、アミド化、アルギニル化、GPI アンカー形成、架橋、 γ -カルボキシル化、環化、共有架橋の形成、グリコシル化、酸化、脂質または脂肪誘導体の共有結合化、シスチンの形成、ジスルフィド結合
20 の形成、セレノイル化、脱メチル化、蛋白質の分解処理、ヌクレオチドまたはヌクレオチド誘導体の共有結合化、ヒドロキシル化、ピログルタメートの形成、フラビンの共有結合化、プレニル化、ヘム部分の共有結合化、ホスファチジルイノシトールの共有結合化、ホルミル化、ミリストイル化、メチル化、ユビキチン化、ヨウ素化、ラセミ化、ADP-リボシル化、硫酸化、リン酸化等が例示される。さら
25 に、本発明のポリペプチドにはシグナルペプチド部分がついた前駆体、シグナルペプチド部分を欠く成熟蛋白質、及びその他のペプチド配列により修飾された融

- 25 -

合蛋白質を含む。本発明のポリペプチドに付加するペプチド配列としては、インフルエンザ凝集素(HA)、グルタチオンSトランスフェラーゼ(GST)、サブスタンスP、多重ヒスチジントグ(6×His、10×His等)、プロテインC断片、マルトース結合蛋白質(MBP)、免疫グロブリン定常領域、 α -チューブリン断片、 β -ガラクトシダーゼ、B-タグ、c-myc断片、E-タグ(モノクローナルファージ上のエピトープ)、FLAG(Hopp et al. (1988) Bio/Technol. 6: 1204-10)、lckタグ、p18 HIV断片、HSV-タグ(ヒト単純ヘルペスウイルス糖蛋白質)、SV40T抗原断片、T7-タグ(T7 gene10蛋白質)、VSV-GP断片(Vesicular stomatitis ウイルス糖蛋白質)等の蛋白質の精製を容易にする配列(例えば、pcDNA3.1/Myc-His(Invitrogen)のようなベクターを利用できる)、組換え技術により蛋白質を生産する際に安定性を付与する配列等を選択することができる。

さらに、本発明により本発明のポリペプチドの断片が提供される。本発明のポリペプチド断片は、本発明のポリペプチドの一部と同一であり、少なくとも8アミノ酸残基以上(例えば、8、10、12、または15アミノ酸残基以上)からなるポリペプチド断片である。特に好ましい断片としては、アミノ末端、カルボキシル末端、膜貫通ドメインを欠失したポリペプチド断片を挙げることができる。 α ヘリックス及び α ヘリックス形成領域、 α 両親媒性領域、 β シート及び β シート形成領域、 β 両親媒性領域、基質結合領域、高抗原指数領域、コイル及びコイル形成領域、親水性領域、疎水性領域、ターン及びターン形成領域、並びに表面形成領域を含む断片が本発明のポリペプチド断片に含まれる。本発明のポリペプチド断片は、本発明のポリペプチドの抗原性さえ有すればどのような断片であってもよい。ポリペプチドの抗原決定部位は、蛋白質のアミノ酸配列上の疎水性/親水性を解析する方法(Kyte-Doolittle (1982) J. Mol. Biol. 157: 105-22)、二次構造を解析する方法(Chou-Fasman (1978) Ann. Rev. Biochem 47: 251-76)により推定し、さらにコンピュータープログラム(Anal. Biochem. 151: 540-6 (1985))、または短いペプチドを合成しその抗原性を確認する PEPSCAN 法(特表昭 60-500684 号

- 26 -

公報)等により確認することができる。

本発明のポリペプチド、及びポリペプチド断片は公知の遺伝子組換え技術により、また化学的な合成法により製造することができる。遺伝子組換え技術により本発明のポリペプチドまたはポリペプチド断片を製造する場合、製造される蛋白質は、選択する宿主の種類によってグリコシル化を受ける場合と受けない場合、さらに分子量、等電点等が異なる場合がある。通常、大腸菌等の原核細胞を宿主としてポリペプチドを発現させた場合、得られるポリペプチドは本来ポリペプチドが有していたN-末端にメチオニン残基が付加された形で産生される。このような宿主の違いにより、構造の異なるポリペプチドも本発明のポリペプチドに含まれる。

<ポリペプチドの製造>

in vitro でポリペプチドを製造する場合、*in vitro* トランスレーション(Dasso and Jackson (1989) Nucleic Acids Res. 17: 3129-44)等の方法に従って、細胞を含まない試験管内の系でポリペプチドを製造することができる。それに対して、細胞を用いてポリペプチドを製造する場合、まず、上述の中から適当な宿主細胞を選択し、目的とするDNAによる形質転換を行う。続いて形質転換された細胞を培養することにより所望のポリペプチドを得ることができる。培養は、選択した細胞に適した公知の方法により行う。例えば、動物細胞を選択した場合には、DMEM(Virology 8: 396 (1959)、MEM(Science 122: 501 (1952))、RPMI1640(J. Am. Med. Assoc. 199: 519 (1967))、199(Proc. Soc. Biol. Med. 73: 1 (1950))、IMDM等の培地を用い、必要に応じウシ胎児血清(FCS)等の血清を添加し、pH 約 6~8、30~40℃において15~200時間前後の培養を行うことができる。その他、必要に応じ途中で培地の交換を行ったり、通気及び攪拌を行ったりすることができる。

一方、*in vivo* におけるポリペプチドの生産系を確立するためには、動物または植物へ目的とするDNAを導入し、生体内においてポリペプチドを産生させる。

- 27 -

ヤギ、ブタ、ヒツジ、マウス、ウシ等の哺乳動物、カイコ等の昆虫(Susumu (1985) Nature 315: 592-4)等の動物系が公知である(Lubon (1998) Biotechnol. Annu. Rev. 4: 1-54)。また、哺乳動物系においてトランスジェニック動物を用いることもできる。

- 5 例えば、所望のポリペプチドをヤギの乳汁中に分泌させることを目的とする場合、該ポリペプチドをコードする DNA を β カゼイン等の乳汁中に特異的分泌される蛋白質をコードする DNA と結合し、目的ポリペプチドを融合蛋白質として発現させるようにする。次に、融合蛋白質をコードする DNA をヤギの胚へ導入する。DNA を導入した胚を雌ヤギの子宮へ移植する。このヤギから生まれるトランスジェ
- 10 ニックヤギ、またはその子孫は乳汁中に所望のポリペプチドを分泌する。必要に応じ、乳汁量を増やすため、ホルモンを投与することもできる(Ebert et al. (1994) Bio/Technology 12: 699-702)。

- タバコ等の植物を用いたトランスジェニック植物のポリペプチド産生系が公知である。まず、所望のポリペプチドコード DNA を pMON530 等の植物発現に適した
- 15 ベクターに組み込み、*Agrobacterium tumefaciens* 等の細菌に導入する。DNA の導入された細菌を *Nicotina tabacum* 等の植物に感染させ、植物を再生させることにより、所望のポリペプチドを得られたトランスジェニック植物の葉より単離することができる(Julian et al. (1994) Eur. J. Immunol. 24: 131-8)。その他の方法としては、PEG を用いプロトプラストへ DNA を導入して植物体を再生する方法
- 20 (Gene Transfer to Plants, Potrykus and Spangenberg ed. (1995) pp. 66-74; インド型イネ品種に適する)、電気パルスによりプロトプラストへ DNA を導入して植物体を再生する方法(Toki et al. (1992) Plant Physiol. 100: 1503-7; 日本型イネに適する)、パーティクルガン法で植物細胞に直接 DNA を導入し植物体を再生する方法(Christou et al. (1991) Bio/Technology 9: 957-62)、アグロバクテリ
- 25 ウムを介し細胞に DNA を導入し植物体を再生する方法(Hiei et al. (1994) Plant J. 6: 271-82)等が確立されている。植物を再生する方法については、Toki et al.

(1995) Plant Physiol. 100: 1503-7 を参照することができる。

トランスジェニック植物が一度得られた後は、さらに該植物の種子、果実、塊茎、塊根、株、切穂、カルス、プロトプラスト等を材料として同じように本発明のポリペプチドを産生する植物宿主を繁殖させ得ることができる。

- 5 通常、遺伝子組換え技術により製造された本発明のポリペプチドは、まず、ポリペプチドが細胞外に分泌される場合には培地を、特にトランスジェニック生物の場合には体液等を、細胞内に産生される場合には細胞を溶解して溶解物を回収する。そして、蛋白質の精製方法として公知の塩析、蒸留、各種クロマトグラフィー、ゲル電気泳動、ゲル濾過、限外濾過、再結晶、酸抽出、透析、免疫沈降、
- 10 溶媒沈澱、溶媒抽出、硫酸またはエタノール沈澱等を適宜組合せることにより所望のポリペプチドを精製する。クロマトグラフィーとしては、アニオンまたはカチオン交換等のイオン交換、アフィニティー、逆相、吸着、ゲル濾過、疎水性、ヒドロキシアパタイト、ホスホセルロース、レクチンクロマトグラフィー等が公知である (Strategies for Protein Purification and Characterization: A Laboratory Course Manual, Marshak et al. ed., Cold Spring Harbor Laboratory Press (1996))。HPLC、FPLC 等の液相クロマトグラフィーを用いて行うことができる。

- また、天然由来のポリペプチドを精製して取得してもよい。例えば、後述の本発明のポリペプチドに対する抗体、を利用して、アフィニティークロマトグラフィーにより精製することもできる (Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons (1987) Section 16.1-16.19)。また、GST との融合蛋白質とした場合にはグルタチオンカラムを、ヒスチジンタグを付加した融合蛋白質とした場合にはニッケルカラムを用いた精製法も利用できる。本発明のポリペプチドを融合蛋白質として製造した場合には、必要に応じて精製後にトロンビンまたはファクター Xa 等を使用して不要な部分を切断することもできる。さらに、必要に応じて
- 20
- 25
- ジキモトリプシン、グルコシダーゼ、トリプシン、プロテインキナーゼ、リシル

- 29 -

エンドペプチダーゼ等の酵素を用い得られたポリペプチドを修飾することも可能である。

本発明のポリペプチド断片は、上述の合成及び遺伝子工学的な手法に加えて、ペプチダーゼのような適当な酵素を用いて本発明のポリペプチドを切断して製造
5 することもできる。

<抗体>

本発明により、本発明のポリペプチドまたはポリペプチド断片に対する抗体が提供される。本発明の抗体にはポリクローナル抗体、モノクローナル抗体、キメラ抗体、一本鎖抗体(scFV) (Huston et al. (1988) Proc. Natl. Acad. Sci. USA
10 85: 5879-83; The Pharmacology of Monoclonal Antibody, vol.113, Rosenberg and Moore ed., Springer Verlag (1994) pp.269-315)、ヒト化抗体、多特異性抗体(LeDoussal et al. (1992) Int. J. Cancer Suppl. 7: 58-62; Paulus (1985) Behring Inst. Mitt. 78: 118-32; Millstein and Cuello (1983) Nature 305: 5
15 37-9; Zimmermann (1986) Rev. Physiol. Biochem. Pharmacol. 105: 176-260; Van Dijk et al. (1989) Int. J. Cancer 43: 944-9)、並びに、Fab、Fab'、F(ab')₂、Fc、Fv等の抗体断片が含まれる。さらに、本発明の抗体は必要に応じ、PEG等により修飾されていてもよい。その他、本発明の抗体は、 β -ガラクトシダーゼ、マルトース結合蛋白質、GST、緑色蛍光蛋白質(GFP)等との融合蛋白質として
20 て製造され得、二次抗体を用いずに検出できるようにしてもよい。また、ビオチン等により抗体を標識することによりアビジン、ストレプトアビジン等を用いて抗体の回収を行い得るように改変されていてもよい。

本発明の抗体は、本発明のポリペプチド若しくはその断片、またはそれらを発現する細胞を感作抗原として製造することができる。また、本発明のポリペプチド若しくはその断片のうち短いものは、ウシ血清アルブミン、キーホールリンベ
25 ットヘモシアニン、卵白アルブミン等のキャリアに結合して免疫原として用いて

- 30 -

もよい。また、本発明のポリペプチドまたはその断片と共に、アルミニウムアジュバント、完全(または不完全)フロイントアジュバント、百日咳菌アジュバント等の公知のアジュバントを抗原に対する免疫応答を強化するために用いてもよい。

ポリクローナル抗体は、例えば、本発明のポリペプチドまたはその断片を所望
5 によりアジュバントと共に哺乳動物に免疫し、免疫した動物より血清を得る。こ
こで用いる哺乳動物は、特に限定されないが、ゲッ歯目、ウサギ目、霊長目の動
物が一般的である。マウス、ラット、ハムスター等のゲッ歯目、ウサギ等のウサ
ギ目、カニクイザル、アカゲザル、マントヒヒ、チンパンジー等のサル等の霊長
目の動物が挙げられる。動物の免疫化は、感作抗原を Phosphate-Buffered Salin
10 e(PBS)または生理食塩水等で適宜希釈、懸濁し、必要に応じアジュバントを混合
して乳化した後、動物の腹腔内または皮下に注射して行われる。その後、好まし
くは、フロイント不完全アジュバントに混合した感作抗原を 4~21 日毎に数回投
与する。抗体の産生は、血清中の所望の抗体レベルを慣用の方法により測定する
ことにより確認することができる。最終的に、血清そのものをポリクローナル抗
15 体として用いても良いし、さらに精製して用いてもよい。具体的な方法として、
例えば、『Current Protocols in Molecular Biology』(John Wiley & Sons (198
7) Section 11.12-11.13)を参照することができる。

モノクローナル抗体を産生するためには、まず、上述のようにして免疫化した
動物より脾臓を摘出し、該脾臓より免疫細胞を分離し、適当なミエローマ細胞と
20 ポリエチレングリコール(PEG)等を用いて融合してハイブリドーマを作成する。細
胞の融合は、Milsteinの方法(Galfre and Milstein (1981) Methods Enzymol. 7
3: 3-46)に準じて行うことができる。ここで、適当なミエローマ細胞として特に、
融合細胞を薬剤により選択することを可能にする細胞が挙げられる。このような
ミエローマを用いた場合、融合されたハイブリドーマは、融合された細胞以外は
25 死滅するヒポキサンチン、アミノプテリン及びチミジンを含む培養液(HAT 培養
液)で培養して選択する。次に、作成されたハイブリドーマの中から、本発明のポ

- 31 -

リペプチドまたはその断片に対して結合する抗体を産生するクローンを選択する。その後、選択したクローンをマウス等の腹腔内に移植し、腹水を回収してモノクローナル抗体を得る。また、具体的な方法として、『Current Protocols in Molecular Biology』(John Wiley & Sons (1987) Section 11.4-11.11)を参照することもできる。

5 ハイブリドーマは、その他、最初にEBウイルスに感染させたヒトリンパ球を *in vitro* で免疫原を用いて感作し、感作リンパ球をヒト由来のミエローマ細胞(U266等)と融合し、ヒト抗体を産生するハイブリドーマを得る方法(特開昭 63-17688号公報)によっても得ることができる。また、ヒト抗体遺伝子のレパートリーを有するトランスジェニック動物を感作して製造した抗体産生細胞を用いても、ヒト抗体を得ることができる(W092/03918; W093-02227; W094/02602; W094/25585; W096/33735; W096/34096; Mendez et al. (1997) Nat. Genet. 15: 146-56等)。ハイブリドーマを用いない例としては、抗体を産生するリンパ球等の免疫細胞に癌遺伝子を導入して不死化する方法が挙げられる。

15 また、遺伝子組換え技術により抗体を製造することもできる(Borrebaeck and Larriek (1990) Therapeutic Monoclonal Antibodies, MacMillan Publishers LTD., UK 参照)。そのためには、まず、抗体をコードする遺伝子をハイブリドーマまたは抗体産生細胞(感作リンパ球等)からクローニングする。得られた遺伝子を適当なベクターに組み込み、宿主に該ベクターを導入し、宿主を培養することにより抗体を産生させる。このような組換え型の抗体も本発明の抗体に含まれる。

20 代表的な組換え型の抗体として、非ヒト抗体由来可変領域及びヒト抗体由来定常領域とからなるキメラ抗体、並びに非ヒト抗体由来相補性決定領域(CDR)、及び、ヒト抗体由来フレームワーク領域(FR)及び定常領域とからなるヒト化抗体が挙げられる(Jones et al. (1986) Nature 321: 522-5; Reichmann et al. (1988) Nature 332: 323-9; Presta (1992) Curr. Op. Struct. Biol. 2: 593-6; Methods Enzymol. 203: 99-121 (1991))。

25

- 32 -

本発明の抗体断片は、上述のポリクローナルまたはモノクローナル抗体をパパイン、ペプシン等の酵素で処理することにより製造し得る。または、抗体断片をコードする遺伝子を用いて遺伝子工学的に製造することも可能である (Co et al., (1994) J. Immunol. 152: 2968-76; Better and Horwitz (1989) Methods Enzymol. 178: 476-96; Pluckthun and Skerra (1989) Methods Enzymol. 178: 497-515; Lamoyi (1986) Methods Enzymol. 121: 652-63; Rousseaux et al. (1986) 121: 663-9; Bird and Walker (1991) Trends Biotechnol. 9: 132-7 参照)。

本発明の多特異性抗体には、二特異性抗体(BsAb)、ダイアボディ(Db)等が含まれる。多特異性抗体は、(1)異なる特異性の抗体を異種二機能性リンカーにより化学的にカップリングする方法(Paulus (1985) Behring Inst. Mill. 78: 118-32)、(2)異なるモノクローナル抗体を分泌するハイブリドーマを融合する方法(Millstein and Cuello (1983) Nature 305: 537-9)、(3)異なるモノクローナル抗体の軽鎖及び重鎖遺伝子(4種のDNA)によりマウス骨髓腫細胞等の真核細胞発現系をトランスフェクションした後、二特異性の一価部分を単離する方法(Zimmermann (1986) Rev. Physio. Biochem. Pharmacol. 105: 176-260; Van Dijk et al. (1989) Int. J. Cancer 43: 944-9)等により作製することができる。一方、Dbは遺伝子融合により構築され得る二価の2本のポリペプチド鎖から構成されるダイマーの抗体断片であり、公知の手法により作製することができる(Holliger et al. (1993) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 90: 6444-8; EP404097; W093/11161 参照)。

抗体及び抗体断片の回収及び精製は、プロテインA及びGを用いて行う他、<ポリペプチドの製造>の項で詳細に記載した蛋白質精製技術によっても行い得る(Antibodies: A Laboratory Manual, Ed Harlow and David Lane, Cold Spring Harbor Laboratory (1988))。例えば、本発明の抗体の精製にプロテインAを利用する場合、Hyper D、POROS、Sephacrose F.F. (Pharmacia)等のプロテインAカラムが公知であり、使用可能である。得られた抗体の濃度は、その吸光度を測定することにより、または酵素結合免疫吸着検定法(ELISA)等により決定することができる。

- 33 -

抗体の抗原結合活性は、吸光度測定、蛍光抗体法、酵素免疫測定法(EIA)、放射免疫測定法(RIA)、ELISA等により測定することができる。ELISA法による測定の場合、本発明の抗体をプレート等の担体に固相化し、次いで本発明のポリペプチドを添加した後、目的とする抗体を含む試料を添加する。ここで、抗体を含む試料としては、抗体産性細胞の培養上清、精製抗体等が考えられる。続いて、本発明の抗体を認識する二次抗体を添加し、プレートのインキュベーションを行う。その後、プレートを洗浄し、二次抗体に付加された標識を検出する。即ち、二次抗体がアルカリフォスファターゼで標識されている場合には、p-ニトロフェニルリン酸等の酵素基質を添加して吸光度を測定することで、抗原結合活性を測定することができる。また、抗体の活性評価に、BIAcore(Pharmacia)等の市販の系を使用することもできる。

本発明の抗体は、本発明のポリペプチド及びその断片の精製に使用することができる。また、パーキンソン病等に対する細胞移植治療に好適に使用され得るドーパミン産生ニューロン前駆細胞を得るために利用することもできる。

15

<ドーパミン産生ニューロンの選択方法>

本発明により分裂停止直後のドーパミン産生ニューロン前駆細胞を選択的に均一な集団として得る方法が提供された。より詳細には、本発明の65B13ポリペプチドに対する抗体とドーパミン産生ニューロン前駆細胞を含むことが予測される細胞試料とを接触させ、抗体に結合する細胞を選択することで本発明のポリペプチドを発現している細胞、即ち、分裂停止直後のドーパミン産生ニューロン前駆細胞を獲得できる(図12から14参照)。細胞との接触前に、抗体を適当な担体に固定化して用いることも可能である。または、細胞と抗体とを接触させ、結合させた後、抗体のアフィニティーによる精製を行うことで、該抗体と結合した細胞を選択的に回収することもできる。例えば、本発明の抗体がビオチンと結合されている場合には、アビジンやストレプトアビジンを結合したプレートやカラムに

25

- 34 -

対して添加することにより精製を行うことができる。

また、65B13 は Ig ドメインを持つ接着分子様の構造を有し(図 6 参照)、培養細胞中で発現させた場合、65B13 を発現させた細胞同士が接着することが判っている。65B13 を発現させていない細胞とは接着しないため、65B13 を介した接着はホモフィリックな結合であると考えられる。このような 65B13 ポリペプチドの性質から、65B13 ポリペプチドの特に細胞外領域部分を利用し、ドーパミン産生ニューロン前駆細胞を選択することもできる。例えば、適当な担体上に、65B13 ポリペプチドの細胞外領域部分を固定し、細胞と接触させることによりドーパミン産生ニューロン前駆細胞を取得することが可能である。従って、本発明により、本発明のポリペプチドの少なくとも細胞外領域部分を含むペプチドとドーパミン産生ニューロン前駆細胞を含むと考えられる細胞試料とを接触させる工程を含むドーパミン産生ニューロンを選択する方法が提供される。

本発明における分裂停止直後のドーパミン産生ニューロン前駆細胞の分離は、抗 65B13 抗体を用いたフローサイトメトリーにより効率的に行なうことができる(実施例 4、図 14)。

その他、65B13 に対するプロモーターを利用してドーパミン産生ニューロン前駆細胞を選択することもできる(例えば、特開 2002-51775 号公報参照)。例えば、後述する 65B13 の発現領域解析により得られたプロモーター部分に対し、GFP 等の検出可能なマーカーをコードする遺伝子を連結した構築物を含むベクターを細胞に対してトランスフェクションすることができる。その他、65B13 遺伝子座へマーカーをコードする遺伝子をノックインすることができる。どちらの場合にも、ドーパミン産生ニューロン前駆細胞特異的にマーカー遺伝子の発現が検出されることとなり、特異的な細胞の選択が可能となる。

ここで使用する細胞試料は好ましくは、中脳腹側領域の細胞、または *in vitro* で分化誘導されたドーパミン産生ニューロンを含む培養培地である。*in vitro* におけるドーパミン産生ニューロンの分化誘導は、公知の ES 細胞、骨髄間質細胞、

神経由来の不死化セルライン(特表平 8-509215 号公報; 特表平 11-506930 号公報; 特表 2002-522070 号公報)、ニューロン始原細胞(特表平 11-509729 号公報)等の細胞を出発材料として、公知の方法により行うことができる。通常、ドーパミン産生ニューロンは、脳のドーパミン産生ニューロン領域から得た組織を神経組織由来の支持細胞層と共培養することにより分化させることができる。さらに、線条体及び皮質等の通常非ドーパミン産生神経組織からドーパミン産生細胞を誘導する方法も知られている(特表平 10-509319 号公報)。また、低酸素条件下での培養により、より多くドーパミン産生ニューロンを含む細胞が得られるとの報告も成されている(特表 2002-530068 号公報)。本発明のドーパミン産生ニューロン前駆細胞の選択に用いる細胞試料は、如何なる方法により分離または培養された細胞群であってもよい。

また、本発明の抗体またはポリペプチドを固定する担体としては、細胞に対して無害なものである必要がある。例えば、合成または天然の有機高分子化合物、ガラスビーズ、シリカゲル、アルミナ、活性炭等の無機材料、及びこれらの表面に多糖類、合成高分子等をコーティングしたものが考えられる。担体の形状には特に制限はなく、膜状、繊維状、顆粒状、中空糸状、不織布状、多孔形状、ハニカム形状等が挙げられ、その厚さ、表面積、太さ、長さ、形状、大きさを種々変えることにより接触面積を制御することができる。

20 <ドーパミン産生ニューロン前駆細胞>

このようにして獲得された細胞は、分裂停止直後のドーパミン産生ニューロン前駆細胞であることから、従来の雑多な細胞集団または外来遺伝子を導入したドーパミン産生ニューロンと比べて、安全性、生存率、ネットワーク形成能の面で PD 等の神経変性疾患の移植治療に好ましいものである。さらに、本方法により得られた本発明の細胞(群)は、分裂直後の前駆細胞であることから、*in vitro*において培地等の条件を選択することにより適当な段階まで分化させることも可能で

- 36 -

あり、種々の神経移植治療の材料としても好ましいものである。本発明の方法により得られたニューロン前駆細胞の移植では、 $1 \times 10^3 \sim 1 \times 10^6$ 個、さらに好ましくは $5 \sim 6 \times 10^4$ 個のニューロンを移植する。第 1 の方法としては、細胞の懸濁液を脳に移植する定位脳固定術(stereotaxic surgery)が挙げられる。また、ミクロ手術(microsurgery)により細胞を移植しても良い。ニューロン組織の移植方法については、Backlund 等(Backlund et al. (1985) J. Neurosurg. 62: 169-73)、Lindvall 等(Lindvall et al. (1987) Ann. Neurol. 22: 457-68)、Madrazo 等(Madrazo et al. (1987) New Engl. J. Med. 316: 831-4)の方法を参照することができる。

10 さらに、本発明の細胞は、ドーパミン産生ニューロン前駆細胞特異的遺伝子及び前駆細胞からドーパミン産生ニューロンへの各成熟段階に特異的な遺伝子の単離、PD 治療のターゲット探索、ドーパミン産生ニューロンの成熟過程の解明、並びに成熟を指標としたスクリーニング等にも利用することができる。

15 <遺伝子発現レベルの比較>

本発明の抗体を用いて得られた分裂停止直後のドーパミン産生ニューロン前駆細胞は、該細胞において特異的に発現している遺伝子を単離する材料として使用することができる。さらに、本発明のドーパミン産生ニューロン前駆細胞を分化、誘導、または増殖させた細胞に特異的に発現している遺伝子を調べ、単離することもできる。また、分化／誘導／増殖させた細胞と元の前駆細胞とにおいて発現レベルに差違のある遺伝子を調べることによりドーパミン産生ニューロンの生体内における分化に必要とされる遺伝子を調べることもできる。このような遺伝子はドーパミン産生ニューロンにおける何等かの欠陥が病因となっている疾病の治療対象候補となり得るので、当該遺伝子を決定し、単離することは非常に有用である。

25 本発明のドーパミン産生ニューロン前駆細胞と該細胞から分化／誘導／増殖さ

- 37 -

れた細胞若しくはその他の細胞、または該分化／誘導／増殖された細胞とその他の細胞との間での遺伝子の発現レベルの比較は、慣用の細胞 *in situ* ハイブリダイゼーション、ノーザンプロットハイブリダイゼーション、RNA ドットプロットハイブリダイゼーション、逆転写 PCR、RNase 保護アッセイ、DNA マイクロアレイ

5 ハイブリダイゼーション、遺伝子発現の連続解析(SAGE; serial analysis of gene expression) (Velculescu et al. (1995) Science 270: 484-7)、差し引きハイブリダイゼーション(subtractive hybridization)、代表差違分析(representation difference analysis; RDA) (Lisitsyn (1995) Trends Genet. 11: 303-7)等により行うことができる。

10 細胞 *in situ* ハイブリダイゼーションでは、特定の RNA 配列に特異的な標識プローブを用い細胞から調製した総 RNA または polyA⁺RNA に対してハイブリダイゼーションを行うことにより、個々の細胞における RNA のプロセッシング、輸送、細胞質への局在化が起こる場所等を調べることができる。また、RNA の大きさをゲル電気泳動等によりサイズ分画して決定することもできる。また、定量的な蛍

15 光 *in situ* ハイブリダイゼーション(FISH)及びデジタル画像顕微鏡を用いれば、RNA 転写産物を *in situ* で視覚的に捉えることも可能であり(Femino et al. (1998) Science 280: 585-90)、本発明において利用することができる。

遺伝子発現の解析で逆転写 PCR を用いた場合、特定遺伝子の発現を大まかに定量することができる。本方法では、1つの RNA 転写産物の種々のアイソフォーム

20 を検出及び解析することも可能である。逆転写 PCR においてはまず、エキソン特異性プライマーを用いた逆転写 PCR を行い、予想された産物以外の増幅産物が検出された場合、それらを解析することにより選択的スプライシングにより生じる mRNA アイソフォームを同定することが可能である。例えば、Pykett et al. (1994) Hum. Mol. Genet. 3: 559-64 等に記載の方法を参照することができる。特に

25 大まかな発現パターンを迅速に解析することが求められる場合、本発明の PCR を利用した本方法は、その速さ、感度の高さ、簡便さの点からも望ましいものであ

る。

DNA チップを使用することにより、遺伝子発現スクリーニングの能率を向上させることができる。ここで、DNA チップとは、ガラス等の担体表面上にオリゴヌクレオチドまたは DNA クローン等を高密度に固定した小型のアレイである。例えば、多重発現スクリーニングを行うためには、各目的遺伝子に対する cDNA クロー
5 ンまたは該遺伝子特異的なオリゴヌクレオチドをチップに対して固定化し、マイクロアレイを作製する。次に本発明のドーパミン特異的ニューロン前駆細胞、または該細胞より分化／誘導／増殖された細胞より RNA を調製し、逆転写酵素処理を行い、cDNA を得る。次に、得られた cDNA 試料を蛍光タグ等のタグにより標識
10 し、マイクロアレイに対するハイブリダイゼーションを行う。その結果、総標識 cDNA 中、細胞内で活発に発現している遺伝子の割合が高くなり、あまり発現されていない遺伝子の割合は低くなる。即ち、標識 cDNA とチップ上の cDNA クローンまたはオリゴヌクレオチドとのハイブリッド形成を意味する蛍光シグナルの強度は、標識 cDNA 内での各配列の発現の度合いを示すこととなり、遺伝子発現の定量を
15 可能成らしめる。

また、縮重 PCR プライマーを用いた逆転写 PCR を行う mRNA ディファレンシャルディスプレイにより、本発明のドーパミン産生ニューロン前駆細胞、または該細胞から分化／誘導／増殖された細胞について多数の遺伝子の発現を同時に解析することもできる。まず、特定の mRNA の polyA 尾部に 3' 末端の 1 または 2 つの塩
20 基を変更した修飾オリゴ dT プライマーを準備し、本発明の前駆細胞または該細胞から分化／増殖された細胞、及び、発現を比較する対照細胞から単離した総 RNA に対して逆転写酵素反応を行う (Liang et al. (1993) Nucleic Acids Res. 21: 3269-75)。変更した塩基が「G」であれば、polyA 尾部の直前に C を持つ mRNA を選択的に増幅することができ、また「CA」であれば、TG を直前に持つ mRNA を増幅
25 することができる。次に、第 2 のプライマーとして、10 塩基程度の長さの任意の配列を有するものを用意し、修飾オリゴ dT プライマー及び第 2 のプライマーを使

- 39 -

用してPCR増幅反応を行う。増幅産物を泳動距離の長いポリアクリルアミドゲルを用いて電気泳動し、サイズ分画する。このような方法により、本発明の細胞と対照細胞とで各細胞に特異的に発現している mRNA 由来の cDNA は、一方の試料を泳動した場合にのみ検出されるバンドとして検出することができる。この方法で

5 は、同定されていない遺伝子の発現についても解析することができる。

SAGE 分析は、多数の転写産物の発現を同時に検出することができ、また検出に特殊な装置を必要としない点で好ましい分析方法の一つである。まず、本発明のドーパミン産生ニューロン前駆細胞または該細胞から分化／誘導／増殖された細胞より polyA⁺RNA を慣用の方法により抽出する。次に、ビオチン化オリゴ dT プライマーを用い、前記 RNA を cDNA に変換し、4 塩基認識制限酵素(アンカー用酵素; AE)で処理する。ここで、AE 処理断片は、その 3' 末端にビオチン基を含んだ形となる。次に、AE 処理断片をストレプトアビジンに結合させ、結合された cDNA を 2 画分に分け、それぞれの画分を別々の 2 本鎖オリゴヌクレオチドアダプター(リンカー)A 及び B に連結する。このリンカーは、(1)アンカー用酵素の作用で生じる

10 突出部の配列と相補的な配列を有する 1 本鎖突出部、(2)タグ用酵素(tagging enzyme; TE)となる IIS 型制限酵素(認識部位より 20bp 以下の離れた定位置の切断を行う)の 5' 塩基認識配列、及び(3)PCR 用特異的プライマーを構成するのに十分な追加配列より構成される。ここで、リンカーを連結した cDNA をタグ用酵素で切断することにより、リンカー結合型の状態で cDNA 配列部分のみが短鎖配列タグとなる。

15 次に、リンカーの異なる 2 種類のプールを互いに連結し、リンカー A 及び B に特異的プライマーを使用して PCR 増幅する。その結果、増幅産物はリンカー A 及び B に結合した 2 つの隣接配列タグ(ダイタグ; ditag)を含む多様な配列の混在物として得られる。そこで、増幅産物をアンカー用酵素により処理し、遊離したダイタグ部分を通常の連結反応により鎖状に連結し、クローニングを行う。クローニングにより得られたクローンの塩基配列を決定することにより、一定長の連続ダイ

20 タグの読み出しを得ることができる。このようにしてクローンの塩基配列を決定

- 40 -

し、配列タグの情報が得られれば、それぞれのタグに該当する mRNA の存在を同定することができる。

- 差し引きハイブリダイゼーションは、種々の組織または細胞間で発現の差のある遺伝子のクローニングによく用いられる方法であるが、本発明のドーパミン
- 5 産生ニューロン前駆細胞、またはそれから分化／誘導／増殖された細胞において特異的に発現している遺伝子をクローニングするのにも使用することができる。
- まず、本発明の前記細胞のうちの試験する細胞の DNA 試料を調製する(以下、テスト DNA と呼ぶ)。次に、比較する細胞の DNA(以下、ドライバー DNA と呼ぶ)を調製する。テスト DNA とドライバー DNA とを逆に用いることもできる。いずれにせよ、
- 10 テスト DNA に存在し、ドライバー DNA に存在しない遺伝子の存在が検出される。
- 次に、調製したテスト DNA 及び大過剰量のドライバー DNA を混合し、変性させ一本鎖 DNA とした後にアニーリングさせる。アニーリング条件を調節することにより、ドライバー DNA 中には存在しない特異的な配列をテスト DNA 由来の DNA のみからなる二本鎖 DNA として単離することができる。より詳細な方法については、S
- 15 waroop et al. (1991) Nucleic Acids Res. 19: 1954 及び Yasunaga et al. (1999) Nature Genet. 21: 363-9 等を参照することもできる。

- RDA 法は、PCR を利用した、ドライバー DNA に存在しないテスト DNA 中の配列を選択的に増幅することを可能とする方法であり、上述のその他の方法と同様に本発明において用いることができる。より詳細な手順については、Lisitsyn (1995)
- 20 Trends Genet. 11: 303-7 及び Schutte et al. (1995) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 92: 5950-4 を参照することができる。

以上のようにして検出、単離されたドーパミン産生ニューロン前駆細胞、または該細胞を分化、誘導、または増殖させた細胞に特異的な遺伝子を上述の各種公知の方法によりベクター等に挿入し、配列決定、発現解析を行うこともできる。

25

<前駆細胞の成熟を指標としたスクリーニング>

- 41 -

本発明により、本発明のドーパミン産生ニューロン前駆細胞に対し、被験物質を接触させる工程、及び接触による前駆細胞の分化または増殖を検出する工程を含む、スクリーニング方法が提供される。本方法によりスクリーニングされる化合物は、ドーパミン産生ニューロンの分化、増殖等を調節する機能を示すことから、ドーパミン産生ニューロンにおける何等かの欠陥が病因となっている疾病の治療対象候補となり得、有用と考えられる。

ここで、「被験物質」とはどのような化合物であってもよいが、例えば、遺伝子ライブラリーの発現産物、合成低分子化合物ライブラリー、合成ペプチドライブラリー、抗体、細菌放出物質、細胞(微生物、植物細胞、動物細胞)抽出液、細胞(微生物、植物細胞、動物細胞)培養上清、精製または部分精製ポリペプチド、海洋生物、植物または動物等由来の抽出物、土壌、ランダムファージペプチドディスプレイライブラリーが挙げられる。

細胞の分化や増殖は、被験物質と接触させない場合における細胞の状態と比較することにより検出することができる。細胞の分化や増殖は、顕微鏡下において形態学的な観察を行うこと、または、細胞で産生されるドーパミン等の物質を検出、定量して検出してもよい。

<65B13 の発現領域解析>

本発明により 65B13 遺伝子の発現制御領域が提供される。本発明の発現制御領域は、本発明のポリヌクレオチドを利用してゲノム DNA から公知の方法によってクローニングすることができる。例えば、S1 マッピング法のような転写開始点の特定方法(細胞工学 別冊 8 新細胞工学実験プロトコール, 東京大学医科学研究所制癌研究部編, 秀潤社 (1993) pp. 362-374) が公知であり、本発明において利用できる。一般に、遺伝子の発現制御領域は、遺伝子の 5' 末端の 15~100bp、好ましくは 30~50bp をプローブ DNA として利用して、ゲノム DNA ライブラリーをスクリーニングすることによりクローニングすることができる(本発明においては、配列

- 42 -

番号:1 の1~176 番目または配列番号:2 の1~126 番目の塩基全部またはその1部)。このようにして得られるクローンは、10kbp 以上の5' 非翻訳領域を含むものである。次にエキソヌクレアーゼ等により処理し短縮化または断片化する。最後に、短縮された発現制御領域の候補を含む配列部分をレポーター遺伝子を利用して、その発現の有無、強さ、制御等について評価し、本発明の65B13 の発現制御領域の活性維持のための最小必要単位を決定することができる。

遺伝子の発現制御領域は、Neural Network 等のプログラム(http://www.fruitfly.org/seq_tools/promoter.html; Reese et al., Biocomputing: Proceedings of the 1996 Pacific Symposium, Hunter and Klein ed., World Scientific Publishing Co., Singapore, (1996))を用いて予測することもできる。さらに、発現制御領域の活性最小単位を予測するプログラム(<http://biosci.cbs.umn.edu/software/proscan/promoterscan.htm>; Prestidge (1995) J. Mol. Biol. 249: 923-32)も公知であり、本発明において用いることができる。

このようにして単離された、65B13 遺伝子の発現領域は、*in vivo* で分裂停止直後のドーパミン産生ニューロン前駆細胞特異的に所望の蛋白質を産生するのに利用することもできる。

<リガンドの同定>

本発明により、本発明のポリペプチドに対するリガンドが提供された。本発明のポリペプチドは膜貫通ドメインを有することから、天然において細胞膜中に埋め込まれた状態で存在すると考えられる。分裂停止直後のドーパミン産生ニューロン前駆細胞で一過性に発現されていることから、ニューロンの成熟に関与していることが考えられる。従って、本発明のポリペプチドに対するアゴニストやアンタゴニスト等の機能を示す可能性があるリガンドは、ドーパミン産生ニューロンの *in vivo*、*ex vivo* 及び *in vitro* における分化を制御するのに利用できる可能性がある。本発明のポリペプチドに対するリガンドの同定においては、まず、

本発明のポリペプチドと候補化合物とを接触させ、結合の有無を検定する。この際、本発明のポリペプチドを担体に固定したり、細胞膜に埋めこまれた状態に発現させて用いることもできる。候補化合物としては特に制限はなく、遺伝子ライブラリーの発現産物、海洋生物由来の天然成分、各種細胞の抽出物、公知化合物及びペプチド、植物由来の天然成分、生体組織抽出物、微生物の培養上清、並びにファージディスプレイ法等によりランダムに製造されたペプチド群(J. Mol. Biol. 222: 301-10 (1991))等が含まれる。また、結合の検出を容易にするために、候補化合物は標識しても良い。

10 図面の簡単な説明

図1は、65B13-aのcDNA配列及びアミノ酸配列を示す図である。シグナル配列及び膜貫通領域が下線で示される。

図2は、65B13-aのcDNA配列及びアミノ酸配列を示す図である。シグナル配列及び膜貫通領域が下線で示される。図1の続きを示している。

15 図3は、65B13-bのcDNA配列及びアミノ酸配列を示す図である。シグナル配列及び膜貫通領域が下線で示される。

図4は、65B13-bのcDNA配列及びアミノ酸配列を示す図である。シグナル配列及び膜貫通領域が下線で示される。図3の続きを示している。

図5は、65B13-a及び65B13-bのアミノ酸配列の比較した図である。

20 図6は、65B13の構造の模式図である。黒く塗りつぶされた部分は膜貫通領域を、またIgは、Igドメインを示す。

図7は、E12.5マウス脳における65B13mRNAの発現を*in situ*ハイブリダイゼーションにより解析した結果を示す写真である。A:矢状断面、B:傍矢状断面。HB:後脳、MB:中脳、SC:脊髄、CB:小脳原基。

25 図8は、E12.5マウス脊髄における65B13mRNAの発現を*in situ*ハイブリダイゼーションにより解析した結果を示す写真である。A:65B13、B:NCAM、C:65B13、K

- 44 -

i67、及び NCAM の発現領域の比較(各々、A 及び B の枠内部分を拡大して示す)。

図 9 は、E12.5 マウス中脳腹側における 65B13 mRNA、及びチロシンヒドロキシラーゼ(TH) mRNA の発現を *in situ* ハイブリダイゼーションにより解析した結果を示す写真である。A: 65B13、B: TH。

5 図 10 は、65B13 の中脳における発現パターンを示す模式図である。

図 11 は、65B13 の発現時期を示す模式図である。

図 12 は、抗 65B13 抗体を用いたドーパミン産生ニューロン前駆細胞の分離及び活用法を示す模式図である。

図 13 は、65B13 (Cy3)、Nurr1 (FITC)、TH (Cy5) タンパク質の発現を、それ
10 ぞれに対する抗体を用いて免疫蛍光染色法にて解析した結果を示す写真である。

図 14 は、65B13 モノクローナル抗体を用いて、マウス 12.5 日胚中脳腹側
(A)、または *in vitro* で ES 細胞からドーパミン産生ニューロンを分化誘導した
細胞群 (B) を染色し、フローサイトメトリーを用いて 65B13 発現細胞を検出した
結果を示す図である。

15

発明を実施するための最良の形態

以下、実施例により本発明についてより詳細に検討するが、本発明はこれらの
実施例により何等限定されるものではない。

20

[実施例 1] ドーパミン産生ニューロン前駆細胞特異的遺伝子の単離及び配列解析

ドーパミン産生ニューロン前駆細胞特異的な遺伝子を単離するために、E12.5
マウス中脳腹側と背側の RNA を用いてサブトラクション (N-RDA) 法により発現の差
のある遺伝子を増幅し、得られた遺伝子の配列を解析した。

25

1. N-RDA 法

1-1. アダプターの調製

下記のオリゴヌクレオチドをアニーリングさせ、100 μ M に調製した。

(ad2: ad2S+ad2A、ad3: ad3S+ad3A、ad4: ad4S+ad4A、ad5: ad5S+ad5A、ad13: ad13S+ad13A)

5 ad2S: cagctccacaacctacatcattccgt (配列番号:11)

ad2A: acggaatgatgt (配列番号:12)、

ad3S: gtccatcttctctctgagactctggt (配列番号:13)

ad3A: accagagtctca (配列番号:14)

ad4S: ctgatgggtgtcttctgtgagtgtgt (配列番号:15)

10 ad4A: acacactcacag (配列番号:16)

ad5S: ccagcatcgagaatcagtgtagacagt (配列番号:17)

ad5A: actgtcacactg (配列番号:18)

ad13S: gtcgatgaacttcgactgtcgatcgt (配列番号:19)

ad13A: acgatcgacagt (配列番号:20)

15

1-2. cDNA 合成

マウス 12.5 日胚(日本 SLC)中脳腹側及び背側領域より RNeasy mini kit (Qiagen)を用い全 RNA を調製し、cDNA synthesis kit (TAKARA)を用いて二本鎖 cDNA を合成した。制限酵素 RsaI で消化したのち、ad2 を付加し、ad2S をプライマーとして 72℃で 5 分インキュベートした後、94℃で 30 秒、65℃で 30 秒、及び 72℃で 2 分の反応を 15 サイクルの PCR を行い、最後に 72℃で 2 分インキュベートし、cDNA を増幅した。N-RDA の PCR はすべて以下の反応液組成で行った。

10×ExTaq 5 μ l

2.5mM dNTP 4 μ l

25 ExTaq 0.25 μ l

100 μ M primer 0.5 μ l

- 46 -

cDNA 2 μ l蒸留水 38.25 μ l

1-3. Driver の作製

- 5 ad2S で増幅した cDNA をさらに、94℃で 2 分インキュベートした後、94℃で 30 秒、65℃で 30 秒、及び 72℃で 2 分の反応を 5 サイクルの PCR を行い、最後に 72℃で 2 分インキュベートした。Qiaquick PCR purification kit (Qiagen) を用いて cDNA を精製し、RsaI 消化した。1 回のサブトラクションに 3 μ g ずつ使用した。

10 1-4. Tester の作製

ad2S で増幅した cDNA をさらに 94℃で 2 分インキュベートした後、94℃で 30 秒、65℃で 30 秒、及び 72℃で 2 分の反応を 5 サイクルの PCR を行い、最後に 72℃で 2 分インキュベートした。Qiaquick PCR purification kit (Qiagen) を用いて cDNA を精製し、RsaI 消化した。60ng の RsaI 消化 cDNA に ad3 を付加した。

15

1-5. サブトラクション 1 回目

上記 3 及び 4 で作製した Tester および Driver を混合し、エタノール沈殿した後に、1xPCR buffer 1 μ l に溶解した。98℃ 5 分の後、1xPCR buffer+1M NaCl 1 μ l を加えた。さらに 98℃ 5 分の後、68℃で 16 時間ハイブリダイズさせた。

- 20 ハイブリダイズさせた cDNA を ad3S をプライマーとして 72℃で 5 分インキュベートした後、94℃で 30 秒、65℃で 30 秒、及び 72℃で 2 分の反応を 10 サイクル行った。続いて、Mung Bean Nuclease (TAKARA) で消化し、Qiaquick PCR purification kit で精製した。さらに 94℃で 2 分インキュベートした後、94℃で 30 秒、65℃で 30 秒、及び 72℃で 2 分の反応を 13 サイクルの PCR を行い、最後に 72℃で
- 25 2 分インキュベートした。

- 47 -

1-6. 均一化

サブトラクション 1 回目で増幅した cDNA 8ng に 2xPCR buffer 1 μ l を加えた。98℃5 分の後、1xPCR buffer+1M NaCl 2 μ l を加えた。さらに 98℃5 分の後、68℃で 16 時間ハイブリダイズさせた。

- 5 ハイブリダイズさせた cDNA を RsaI で消化し、Qiaquick PCR purification kit で精製した。これを ad3S をプライマーとして 94℃で 2 分インキュベートした後、94℃で 30 秒、65℃で 30 秒、及び 72℃で 2 分の反応を 11 サイクルの PCR を行い、最後に 72℃で 2 分インキュベートした。RsaI で消化し、ad4 を付加した。

10 1-7. サブトラクション 2 回目

上記 6 で ad4 を付加した cDNA 20ng を Tester として、上記 3 の Driver と混合し、さらに、上記 5 と同様の方法でサブトラクションを行った。最終的に RsaI 消化した cDNA に ad5 を付加した。

15 1-8. サブトラクション 3 回目

上記 7 で ad5 を付加した cDNA 2ng を Tester として、上記 3 の Driver と混合し、さらに、上記 5 と同様の方法でサブトラクションを行った。最終的に RsaI 消化した cDNA に ad13 を付加した。

20 1-9. サブトラクション 4 回目

上記 8 で ad13 を付加した cDNA 2ng を Tester として、上記 3 の Driver と混合し、以下、上記 5 と同様の方法でサブトラクションを行った。増幅した cDNA を pCRII (Invitrogen) にクローニングし、ABI3100 シーケンスアナライザーを用いて塩基配列を解析した。

- 25 次に、N-RDA 法により得られた 65B13 断片の配列を用い、以下の方法で RACE を行った。

2. RACE 法

マウス 12.5 日胚脳より RNeasy mini kit (Qiagen) により全 RNA を調製し、 μ M ACS mRNA isolation kit (Miltényi Biotec) を用いて mRNA を調製した。調製した mRNA より、Superscript choice system (Invitrogen) および pCRII ベクター (Invitrogen) を用いて cDNA ライブラリーを調製した。これよりプラスミド DNA を調製し、以下のプライマーを用いて PCR を行った。

TAU2: GGCTTTACACTTTATGCTTCCGGCTC (配列番号:21)

TAU4: CAGCTATGACCATGATTACGCCAAGC (配列番号:22)

10 TAD3: AGGCGATTAAAGTTGGGTAACGCCAGG (配列番号:23)

TAD4: CCAGTCACGACGTTGTAAAACGACGG (配列番号:24)

65B13 F1: CTTCCCGTATGCTACCTTGTCTCCAC (配列番号:25)

65B13 F2: TCCATCTCTCCAAGTGAAGGGTCTTG (配列番号:26)

65B13 R1: CCAACAGTCCTGCATGCTTGTAATGA (配列番号:27)

15 65B13 R2: TCCTTCAATGTTTCAGTTTTGGAGGGG (配列番号:28)

PCR の条件は次の通りであった。

1st PCR

10×ExTaq 2 μ l

2.5mM dNTP 1.6 μ l

20 ExTaq 0.1 μ l

100 μ M TAU2 または TAD3 0.04 μ l

100 μ M 65B13 F1 または R1 0.2 μ l

cDNA (10ng/ μ l) 1 μ l

蒸留水 15.06 μ l

25 94℃で5分インキュベートした後、94℃で30秒、65℃で30秒、及び72℃で5分の反応を25サイクル行い、最後に72℃で2分インキュベートした。続いて、1

- 49 -

回目の PCR により得られた産物を 100 倍希釈して 2nd PCR を行った。2nd PCR の条件は次の通りであった。

2nd PCR

10×ExTaq 5 μ l

5 2.5mM dNTP 4 μ l

ExTaq 0.25 μ l

100 μ M TAU4 または TAD4 0.1 μ l

100 μ M 65B13 F2 または R2 0.5 μ l

1/100 1st PCR 産物 1 μ l

10 蒸留水 15.06 μ l

94℃で5分インキュベートした後、94℃で30秒、65℃で30秒、及び72℃で5分の反応を25サイクル行い、最後に72℃で2分インキュベートした。増幅された cDNA 断片を pCRII にクローニングし、ABI3100 シーケンスアナライザーを用いてシーケンスの解析を行った。

- 15 得られた2つの遺伝子、65B13-a 及び 65B13-b のヌクレオチド配列を配列番号:1(図1及び2)、及び配列番号:2(図3及び4)として示す。65B13-a のコード領域は、配列番号:1の177番目のAから始まり、2278~2280番目の終止コドンまで続き、700アミノ酸からなる蛋白質をコードする。そして、そのうち177番目から228番目までの配列にコードされる17アミノ酸残基はシグナル配列、1717番
- 20 目から1767番目までの配列にコードされる17アミノ酸残基は膜貫通領域であった。それに対し、65B13-b のコード領域は、配列番号:2の127番目のAから始まり、2277~2079番目の終止コドンまで続き、650アミノ酸からなる蛋白質をコードする。そして、そのうち127番目から177番目までの配列にコードされる17ア
- 25 ミノ酸残基はシグナル配列、1516番目から1566番目までの配列にコードされる17アミノ酸残基は膜貫通領域であった。65B13-a 及び 65B13-b 遺伝子にコードされるアミノ酸配列を配列番号:3及び4として示す。図5において示すように、両遺

- 50 -

伝子によりコードされるアミノ酸配列を比較したところ、65B13-a と 65B13-b とはアルタナティブスプライシングによるアイソフォームであり、65B13-b は 65B13-a に対し N 末端側の 50 アミノ酸が欠失いることが判明した。65B13 遺伝子によりコードされる蛋白質はホモロジーサーチにより、図 6 に示すような 5 つの Ig D
5 メインを持つ、一回膜貫通型蛋白質であると考えられた。

[実施例 2] 65B13 遺伝子の発現解析

次に、これらの遺伝子を用いて以下のプロトコールにより *in situ* ハイブリダイゼーションによる発現解析を行った。

10 まず、マウス 12.5 日胚を OCT で包埋し、厚さ 16 μ m の新鮮凍結切片を作製した。スライドガラス上で乾燥させた後に 4%PFA で室温 30 分間固定した。PBS で洗浄した後、ハイブリダイゼーション (1 μ g/ml DIG 化 RNA プローブ、50%ホルムアミド、5xSSC, 1%SDS, 50 μ g/ml yeast RNA, 50 μ g/ml Heparin) を 65 度で 40 時間行った。その後、洗浄 (50%ホルムアミド、5xSSC, 1%SDS) を 65 度で行い、RNase
15 処理 (5 μ g/ml RNase) を室温 5 分間行った。0.2xSSC で 65 度の洗浄、1xTBST で室温で洗浄の後、ブロッキング (Blocking reagent: Roche) を行った。アルカリフォスファターゼ標識抗 DIG 抗体 (DAKO) を反応させ、洗浄 (1xTBST、2mM Levamisole) の後、NBT/BCIP (DAKO) を基質として発色させた。

そして、これらの遺伝子を用いた *in situ* ハイブリダイゼーションによる発現
20 解析の結果、ドーパミン産生ニューロンの発生する時期である E12.5 で、65B13 が中脳腹側、小脳原基、後脳、及び脊髄で発現していることが判った (図 7)。脊髄における発現をさらに増殖マーカーである Ki67 及び成熟マーカーである NCAM と比較したところ、Ki67 陽性の神経前駆細胞 (neural progenitor) の増殖する領域である脳室領域 (ventricular zone; VZ) 内の一部の細胞に 65B13 が発現している
25 のに対し、分裂停止後のより成熟した NCAM 陽性の前駆細胞の存在する外套層 (mantle layer; ML) 内には発現が認められなかった (図 8)。脊髄以外の領域でも同様

- 51 -

に、VZ 内の一部の細胞で発現が認められた。これらの発現パターンから、65B13 は分裂停止直後の神経前駆細胞で一過性に発現するものと考えられた。

中脳では、最も腹側にあたる領域の VZ 内のみで発現が認められた。ドーパミン産生ニューロンのマーカー遺伝子であるチロシンヒドロキシラーゼ (tyrosine hydroxylase; TH) の発現と比較すると、TH は ML にのみ発現しているため同一の細胞で両者の発現が認められることはないものの、背-腹軸方向で発現領域が完全に一致していることが判明した (図 9)。一般に神経管内の神経細胞は、まず VZ 内で増殖し、分化開始と共に分裂を停止し、その後、すぐ外側の ML に移動してから成熟することが知られている。従って、ドーパミン産生ニューロンの前駆体は、TH 発現領域のすぐ内側の VZ 内で増殖し、分裂停止後に外側に移動してから TH を発現するものと考えられている。この前駆体の増殖する VZ 領域が 65B13 の発現領域と一致することから、65B13 は、中脳では分裂停止直後のドーパミン産生ニューロン前駆細胞に特異的、且つ一過性に発現すると考えられた (図 10 及び 11)。

15 [実施例 3] 65B13 タンパク質の発現解析

次に、65B13 遺伝子のうち、細胞外領域をコードする遺伝子配列を用いて、以下のプロトコールにより抗 65B13 抗体を作製し、免疫組織染色による発現解析を行った。

まず、65B13 遺伝子のうち、細胞外領域をコードする遺伝子配列を 293E 細胞に遺伝子導入して、65B13 タンパク質の細胞外領域を発現させて回収した。回収したタンパク質をハムスターに免疫したのち、リンパ球細胞を取り出してミエローマ細胞とフュージョンさせた。フュージョンさせた細胞をマウスの腹腔内に移植し、腹水を得て、抗 65B13 モノクローナル抗体を精製した。次にマウス 12.5 日胚を 4% PFA/PBS (-) で 4℃、2 時間固定したのち、20% ショ糖/PBS (-) で 4℃、一晚置換し、OCT で包埋した。厚さ 12µm の切片を作製し、スライドガラスに貼り付けた後、室温で 30 分乾燥させ、PBS (-) で再び湿潤させた。その後、ブロッッキング (ブロッケー

- 52 -

ス) を室温、20分間行い、作製した抗65B13モノクローナル抗体 (10ug/ml、2.5% ブロックエース/PBS)、抗TH抗体 (Chemicon、0.7ug/ml、2.5%ブロックエース/PBS)、抗Nurr1抗体 (Santa Cruz、4ug/ml、2.5%ブロックエース/PBS) を室温、1時間反応させた後、さらに4℃、一晩反応させた。0.1%Triton X-100/PBS(-)で、室温、10分間の洗浄を4回行った。Cy3標識抗ハムスターIgG抗体、FITC標識抗ウサギIgG抗体、Cy5標識抗マウスIgG抗体 (Jackson、10ug/ml、2.5%ブロックエース) を室温、1時間反応させ、同様に洗浄を行った後、PBS(-)によって室温、10分間洗浄し、包埋した。

そして、作製した抗65B13モノクローナル抗体を用いた免疫組織染色による発現解析の結果、*in situ*ハイブリダイゼーションによる発現解析の結果と同様に、ドーパミン産生ニューロンの発生する時期であるE12.5で、中脳腹側に発現が認められた (図13)。ドーパミン産生ニューロンのマーカーであるTH、Nurr1タンパク質の発現と比較すると、65B13タンパク質はTH、Nurr1タンパク質が発現する中脳最腹側のVZ側に発現していることから、65B13タンパク質はドーパミン産生ニューロン前駆細胞に発現していると考えられた。

[実施例4] フローサイトメトリーによる65B13発現細胞の検出

次に、抗65B13モノクローナル抗体を用いて、フローサイトメトリーによる65B13発現細胞の検出を行った。

まず、マウス12.5日胚より中脳腹側部分を切り出したもの、または、*in vitro*においてES細胞より分化誘導させたドーパミン産生ニューロン前駆細胞を含む細胞群を、細胞分散バッファー (Invitrogen) を用いて分散させた後、固定・透過処理せずに、抗65B13モノクローナル抗体 (10ug/ml、1%ウシ胎児血清、1mM EDTA/PBS) で4℃、20分間染色した。その後、1%ウシ胎児血清、1mM EDTA/PBS(-) で4℃、3分間の洗浄を3回行い、PE標識抗ハムスターIgG抗体 (Pharmingen、4ug/ml、1%ウシ胎児血清、1mM EDTA/PBS) で4℃、20分間染色し、同様に洗浄して、フローサイ

- 53 -

トメーターにて65B13発現細胞を検出した。

そして、作製した抗65B13モノクローナル抗体を用いたフローサイトメトリーによる65B13発現細胞の検出の結果、65B13タンパク質を発現する集団を検出した

(図14)。固定・透過処理することなく、65B13発現細胞を検出できることから、

- 5 セルソーターを付属したフローサイトメーターを用いることにより、65B13発現細胞を生細胞の状態で分離することが可能であると考えられた。65B13タンパク質はドーパミン産生ニューロン前駆細胞に発現していると考えられることから、65B13はドーパミン産生ニューロン前駆細胞の分離に有用であると考えられた。

10 産業上の利用の可能性

- 本発明により、分裂停止直後のドーパミン産生ニューロン前駆細胞に特異的、且つ一過性に発現する新規遺伝子 65B13 が得られた。細胞における該 65B13 の発現を指標とすることにより、安全面、生存率及びネットワーク形成能の面でもパーキンソン病を含む神経変性疾患に対する移植治療に適した細胞を選択することが可能となった。また、分裂停止直後のニューロン前駆細胞を選択的に得られるため、成熟した細胞の求められる治療等において使用する場合であっても、*in vitro*で最適な状態へと容易に分化させることができる。さらに、本発明の遺伝子を用いて得られるドーパミン産生ニューロン前駆細胞により、該細胞に特異的に発現している遺伝子を単離することが可能となった。該細胞は、パーキンソン病等の神経変性疾患に対する医薬を開発する上でも有用と考えられる。分裂停止直後のドーパミン産生ニューロン前駆細胞という、ニューロン形成における初期の前駆細胞は、さらに、ニューロンの成熟過程、即ち、成熟過程に関与する種々の因子を明らかにするのに役立つ。このような因子の解明は、神経変性疾患の治療に大きく貢献することが予期される。さらに、該細胞の成熟を指標として、その過程を調節(阻害または促進)するような物質のスクリーニングに用いることもできる。

- 54 -

請求の範囲

1. 分裂停止直後のドーパミン産生ニューロン前駆細胞に特異的に発現する 65B1
3 ポリペプチド、またはその抗原性断片をコードする以下の(1)～(4)のヌク
5 レオチド配列から選択される配列を含むポリヌクレオチド。
(1)配列番号:1 の 177 から 2280 番目の塩基、若しくは配列番号:2 の 127 番目
から 2079 番目の塩基を含む核酸配列、または該核酸配列に相補的な配列
(2)配列番号:3 若しくは 4 記載のアミノ酸配列をコードする核酸配列、また
は該核酸配列に相補的な配列
10 (3)配列番号:3 若しくは 4 記載のアミノ酸配列においてシグナル配列部分を
欠く配列をコードする核酸配列、または該核酸配列に相補的な配列
(4)配列番号:3 または 4 記載のアミノ酸配列において 1 若しくは複数個のア
ミノ酸が欠失、挿入、置換、または付加されたアミノ酸配列をコードする
核酸配列、または該核酸配列に相補的な配列
15 (5)上記(1)の配列に対してストリンジェントな条件下でハイブリダイズする
核酸配列
2. 請求項 1 記載のポリヌクレオチドを含むベクター。
3. 請求項 1 記載のポリヌクレオチドまたは請求項 2 記載のベクターを含む宿主
細胞。
- 20 4. 請求項 1 記載のポリヌクレオチドによりコードされるポリペプチド。
5. 請求項 4 記載のポリペプチドの断片であり、少なくとも 8 アミノ酸残基を有
するポリペプチド断片。
6. 請求項 4 記載のポリペプチド、または請求項 5 記載のポリペプチド断片に対
する抗体。
- 25 7. 請求項 5 記載のポリペプチド断片をコードするヌクレオチド鎖。
8. ドーパミン産生ニューロンを選択する方法であり、請求項 6 記載の抗体とド

- 55 -

ーパミン産生ニューロン前駆細胞sを含むと考えられる細胞試料とを接触させる工程を含む方法。

9. ドーパミン産生ニューロンを選択する方法であり、請求項4記載のポリペプチドの少なくとも細胞外領域部分を含むペプチドとドーパミン産生ニューロン前駆細胞を含むと考えられる細胞試料とを接触させる工程を含む方法。
- 5
10. 請求項8または9記載の方法により選択された分裂停止直後のドーパミン産生ニューロン前駆細胞。
11. ドーパミン産生ニューロン前駆細胞特異的遺伝子及び前駆細胞からドーパミン産生ニューロンへの各成熟段階に特異的な遺伝子の単離方法であって、
- 10 請求項10記載の前駆細胞または該前駆細胞から分化、誘導若しくは増殖された細胞を用い、該細胞において特異的に発現している遺伝子を検出、単離する工程を含む方法。
12. 成熟を指標としたスクリーニング方法であり、請求項10記載の前駆細胞に対し、被験物質を接触させる工程、及び接触による前駆細胞の分化または
- 15 増殖を検出する工程を含む方法。

1 / 14

図 1

GAT	GAG	CCA	GAT	TTC	GGG	GAC	TCT	GGG	CCA	GAC	ATA	AAA	TCT	TCC	AGC	CCG	GAG	54
AGA	ATT	GTG	TGC	AGA	GAG	GGG	CTC	CAG	TCC	AGC	GTG	GTG	TGA	GAG	GCG	TGC	TAT	108
CAA	GAA	AGA	AGT	TGG	AGG	GGA	ACC	AGT	GCA	ACC	CTA	ACT	CTA	CGA	GAT	CTT	GGG	162
GTG	CAC	ACA	CTC	GGG	ATG	CTG	GCC	TCC	GCC	CTC	CTC	GTT	TTC	CTT	TGC	TGT	TTC	216
					M	L	A	S	A	L	L	V	F	L	C	C	F	
AAA	GGA	CAT	GCA	GGC	TCA	TCG	CCC	CAT	TTC	CTA	CAA	CAG	CCA	GAG	GAC	ATG	GTG	270
K	G	H	A	G	S	S	P	H	F	L	Q	Q	P	E	D	M	V	
GTG	CTG	TTG	GGG	GAG	GAA	GCC	CGG	CTG	CCC	TGC	GCT	CTG	GGC	GCG	TAC	AGG	GGG	324
V	L	L	G	E	E	A	R	L	P	C	A	L	G	A	Y	R	G	
CTC	GTG	CAG	TGG	ACT	AAG	GAT	GGG	CTG	GCT	CTA	GGG	GGC	GAA	AGA	GAC	CTT	CCA	378
L	V	Q	W	T	K	D	G	L	A	L	G	G	E	R	D	L	P	
GGG	TGG	TCC	CGG	TAC	TGG	ATA	TCG	GGG	AAT	TCA	GCC	AGT	GGC	CAG	CAT	GAC	CTC	432
G	W	S	R	Y	W	I	S	G	N	S	A	S	G	Q	H	D	L	
CAC	ATT	AAG	CCT	GTG	GAA	TTG	GAA	GAT	GAG	GCA	TCG	TAT	GAG	TGC	CAG	GCT	TCG	486
H	I	K	P	V	E	L	E	D	E	A	S	Y	E	C	Q	A	S	
CAA	GCA	GGT	CTC	CGA	TCA	CGA	CCA	GCC	CAA	CTG	CAC	GTG	ATG	GTC	CCC	CCA	GAA	540
Q	A	G	L	R	S	R	P	A	Q	L	H	V	M	V	P	P	E	
GCT	CCC	CAG	GTA	CTA	GGC	GGC	CCC	TCT	GTG	TCT	CTG	GTT	GCT	GGA	GTT	CCT	GGA	594
A	P	Q	V	L	G	G	P	S	V	S	L	V	A	G	V	P	G	
AAT	CTG	ACC	TGT	CGG	AGT	CGT	GGG	GAT	TCC	CGA	CCT	GCC	CCT	GAA	CTA	CTG	TGG	648
N	L	T	C	R	S	R	G	D	S	R	P	A	P	E	L	L	W	
TTC	CGA	GAT	GGG	ATC	CGG	CTG	GAT	GCG	AGC	AGC	TTC	CAC	CAG	ACC	ACG	CTG	AAG	702
F	R	D	G	I	R	L	D	A	S	S	F	H	Q	T	T	L	K	
GAC	AAG	GCC	ACT	GGA	ACA	GTG	GAA	AAC	ACC	TTA	TTC	CTG	ACC	CCT	TCC	AGT	CAT	756
D	K	A	T	G	T	V	E	N	T	L	F	L	T	P	S	S	H	
GAT	GAT	GGC	GCC	ACC	TTG	ATC	TGC	AGA	GCG	CGA	AGC	CAG	GCC	CTG	CCC	ACA	GGG	810
D	D	G	A	T	L	I	C	R	A	R	S	Q	A	L	P	T	G	
AGG	GAC	ACA	GCT	GTT	ACA	CTG	AGC	CTT	CAG	TAT	CCC	CCA	ATG	GTG	ACT	CTG	TCT	864
R	D	T	A	V	T	L	S	L	Q	Y	P	P	M	V	T	L	S	
GCT	GAG	CCC	CAG	ACT	GTG	CAG	GAG	GGA	GAG	AAG	GTG	ACT	TTC	CTG	TGT	CAA	GCC	918
A	E	P	Q	T	V	Q	E	G	E	K	V	T	F	L	C	Q	A	
ACT	GCC	CAG	CCT	CCT	GTC	ACT	GGC	TAC	AGG	TGG	GCG	AAG	GGG	GGA	TCC	CCG	GTG	972
T	A	Q	P	P	V	T	G	Y	R	W	A	K	G	G	S	P	V	
CTC	GGG	GCA	CGT	GGG	CCA	AGG	TTG	GAG	GTC	GTT	GCA	GAT	GCC	ACT	TTC	CTG	ACT	1026
L	G	A	R	G	P	R	L	E	V	V	A	D	A	T	F	L	T	
GAG	CCG	GTG	TCC	TGC	GAG	GTC	AGC	AAC	GCG	GTC	GGA	AGC	GCC	AAC	CGC	AGC	ACG	1080
E	P	V	S	C	E	V	S	N	A	V	G	S	A	N	R	S	T	
GCG	CTG	GAA	GTG	TTG	TAT	GGA	CCC	ATT	CTG	CAG	GCA	AAA	CCT	AAG	TCC	GTG	TCC	1134
A	L	E	V	L	Y	G	P	I	L	Q	A	K	P	K	S	V	S	
GTG	GAC	GTG	GGG	AAA	GAT	GCC	TCC	TTC	AGC	TGT	GTC	TGG	CGC	GGG	AAC	CCA	CTT	1188
V	D	V	G	K	D	A	S	F	S	C	V	W	R	G	N	P	L	
CCA	CGG	ATA	ACC	TGG	ACC	CGC	ATG	GGT	GGC	TCT	CAG	GTG	CTG	AGC	TCC	GGG	CCC	1242
P	R	I	T	W	T	R	M	G	G	S	Q	V	L	S	S	G	P	
ACG	CTG	CGG	CTT	CCG	TCC	GTG	GCA	CTG	GAG	GAT	GCG	GGC	GAC	TAT	GTA	TGC	AGG	1296
T	L	R	L	P	S	V	A	L	E	D	A	G	D	Y	V	C	R	
GCT	GAG	CCG	AGG	AGA	ACG	GGT	CTG	GGA	GGC	GGC	AAA	GCG	CAG	GCG	AGG	CTG	ACT	1350
A	E	P	R	R	T	G	L	G	G	G	K	A	Q	A	R	L	T	
GTG	AAC	GCA	CCC	CCT	GTA	GTG	ACA	GCC	CTG	CAA	CCT	GCA	CCA	GCC	TTT	CTG	AGG	1404
V	N	A	P	P	V	V	T	A	L	Q	P	A	P	A	F	L	R	

图 2

GGT	CCT	GCT	CGC	CTC	CAG	TGT	GTG	GTG	TTT	GCC	TCC	CCT	GCC	CCA	GAC	TCG	GTG	1458
G	P	A	R	L	Q	C	V	V	F	A	S	P	A	P	D	S	V	
GTT	TGG	TCT	TGG	GAC	GAG	GGC	TTC	TTG	GAG	GCA	GGC	TCA	CTG	GGC	AGG	TTC	CTA	1512
V	W	S	W	D	E	G	F	L	E	A	G	S	L	G	R	F	L	
GTG	GAA	GCC	TTC	CCA	GCC	CCG	GAA	GTG	GAG	GGG	GGA	CAG	GGC	CCT	GGC	CTT	ATT	1566
V	E	A	F	P	A	P	E	V	E	G	G	Q	G	P	G	L	I	
TCT	GTG	CTA	CAC	ATT	TCC	GGA	ACC	CAG	GAG	TCC	GAC	TTT	ACC	ACC	GGC	TTC	AAC	1620
S	V	L	H	I	S	G	T	Q	E	S	D	F	T	T	G	F	N	
TGC	AGT	GCC	CGC	AAC	CGG	CTA	GGA	GAG	GGA	CGA	GTC	CAG	ATC	CAC	TTG	GGC	CGT	1674
C	S	A	R	N	R	L	G	E	G	R	V	Q	I	H	L	G	R	
AGA	GAT	TTG	CTG	CCT	ACT	GTC	CGG	ATT	GTG	GCT	GGT	GCA	GCA	TCT	GCA	GCC	ACC	1728
R	D	L	L	P	T	V	R	I	V	A	G	A	A	S	A	A	T	
TCT	CTC	CTT	ATG	GTC	ATC	ACT	GGA	GTG	GTC	CTC	TGC	TGC	TGG	CGC	CAT	GGC	TCT	1782
S	L	L	M	V	I	T	G	V	V	L	C	C	W	R	H	G	S	
CTC	TCT	AAG	CAA	AAG	AAC	TTG	GTC	CGG	ATC	CCA	GGA	AGC	AGC	GAG	GGT	TCC	AGT	1836
L	S	K	Q	K	N	L	V	R	I	P	G	S	S	E	G	S	S	
TCA	CGT	GGC	CCT	GAG	GAG	GAG	ACA	GGC	AGC	AGT	GAG	GAC	CGG	GGT	CCC	ATT	GTG	1890
S	R	G	P	E	E	E	T	G	S	S	E	D	R	G	P	I	V	
CAC	ACC	GAC	CAC	AGT	GAT	TTG	GTT	CTT	GAG	GAA	AAA	GAG	GCT	CTG	GAG	ACA	AAG	1944
H	T	D	H	S	D	L	V	L	E	E	K	E	A	L	E	T	K	
GAT	CCA	ACC	AAC	GGT	TAC	TAC	AAG	GTT	CGA	GGG	GTC	AGT	GTG	AGC	CTT	AGC	CTT	1998
D	P	T	N	G	Y	Y	K	V	R	G	V	S	V	S	L	S	L	
GGG	GAA	GCT	CCT	GGA	GGA	GGC	CTC	TTC	TTG	CCA	CCG	CCC	TCT	CCG	ATC	GGT	CTC	2052
G	E	A	P	G	G	G	L	F	L	P	P	P	S	P	I	G	L	
CCA	GGG	ACT	CCT	ACT	TAC	TAT	GAC	TTC	AAG	CCA	CAT	CTG	GAC	TTA	GTC	CCT	CCC	2106
P	G	T	P	T	Y	Y	D	F	K	P	H	L	D	L	V	P	P	
TGC	AGA	CTG	TAC	AGA	GCG	AGG	GCA	GGT	TAT	CTT	ACC	ACC	CCC	CAT	CCC	CGT	GCC	2160
C	R	L	Y	R	A	R	A	G	Y	L	T	T	P	H	P	R	A	
TTC	ACC	AGC	TAC	ATG	AAA	CCC	ACA	TCC	TTT	GGA	CCC	CCA	GAT	TTG	AGC	TCT	GGA	2214
F	T	S	Y	M	K	P	T	S	F	G	P	P	D	L	S	S	G	
ACT	CCC	CCC	TTC	CCG	TAT	GCT	ACC	TTG	TCT	CCA	CCC	AGC	CAC	CAG	CGT	CTC	CAG	2268
T	P	P	F	P	Y	A	T	L	S	P	P	S	H	Q	R	L	Q	
ACT	CAT	GTG	TGA	ATC	CAT	CTC	TCC	AAG	TGA	AGG	GTC	TTG	GAA	TCT	TCT	GTT	TGC	2322
T	H	V	*															
CAT	ATA	GTG	TGT	TGT	CCA	GAT	TTC	TGG	GGA	GTC	AGA	ACA	AGT	TGA	TGA	CCA	ACC	2376
CCT	CCA	AAA	CTG	AAC	ATT	GAA	GGA	GGG	AAA	GAT	CAT	TAC	AAG	CAT	CAG	GAC	TGT	2430
TGG	TGT	ACA	CTC	AGT	TCA	GCC	AAA	GTG	GAT	TCT	CCA	AGT	GGG	AGC	AAT	ATG	GCC	2484
GCT	TTC	CCA	TGA	GAA	AGA	CAT	TCA	AGA	TGG	TGA	CTA	AAT	GAC	TAA	ATA	CTT	TGC	2538
AGA	GGG	ACA	AAG	ATG	GGA	ACT	AGG	GAT	ACG	GAT	GGA	AGT	AGT	AGA	GAA	GAT	ATA	2592
TGA	CCA	TCT	GCA	TCA	AGA	GGA	AGG	ATA	ACA	TAT	GAC	AAA	TCA	AGA	TGA	AAG	AAA	2646
TAA	TCC	ACC	CCA	CCC	CCA	CCG	CGT	CCT	GGC	CAA	TAA	GTA	TAG	CCT	ACA	TGG	CTG	2700
TTC	ATT	ATC	TGG	GAA	CCA	AAA	TGG	CCA	CTA	TCT	TGA	CTC	CTT	CCT	TAA	AGA	TAC	2754
AGA	AAG	AAT	TGA	ATC	CAA	GGA	ATG	GGG	TAG	GGT	GGA	AAT	AGA	AGA	AAT	GAA	GGG	2808
GAC	TCT	TGG	GCT	AAG	AAT	ACT	TAT	GTT	TAA	TAA	TAA	AAG	GGG	GAG	GCA	AAG	ATG	2862
CAA	AAA	AAA	AAA	AAA	AA													2876

3 / 1 4

3

GAG	AGA	ATT	GTG	TGC	AGA	GAG	AGG	CTC	CAG	TCC	AGC	GTG	GTG	TGA	GAG	GCG	TGC	54
TAT	CAA	GAA	AGA	AGT	TGG	AGG	GGA	ACC	AGT	GCA	ACC	CTA	ACT	CTA	CGA	GAT	CTT	108
GGG	GTA	CAC	ACA	CTC	GGG	ATG	CTG	GCC	TCC	GCC	CTC	CTC	GTT	TTC	CTT	TGC	TGT	162
						M	L	A	S	A	L	L	V	F	L	C	C	
TTC	AAA	GGA	CAT	GCA	GGG	TGG	TCC	CGG	TAC	TGG	ATA	TCG	GGG	AAT	TCA	GCC	AGT	216
F	K	G	H	A	G	W	S	R	Y	W	I	S	G	N	S	A	S	
GGC	CAG	CAT	GAC	CTC	CAC	ATT	AAG	CCT	GTG	GAA	TTG	GAA	GAT	GAG	GCA	TCG	TAT	270
G	Q	H	D	L	H	I	K	P	V	E	L	E	D	E	A	S	Y	
GAG	TGC	CAG	GCT	TCG	CAA	GCA	GGT	CTC	CGA	TCA	CGA	CCA	GCC	CAA	CTG	CAC	GTG	324
E	C	Q	A	S	Q	A	G	L	R	S	R	P	A	Q	L	H	V	
ATG	GTC	CCC	CCA	GAA	GCT	CCC	CAG	GTA	CTA	GGC	GGC	CCC	TCT	GTG	TCT	CTG	GTT	378
M	V	P	P	E	A	P	Q	V	L	G	G	P	S	V	S	L	V	
GCT	GGA	GTT	CCT	GGA	AAT	CTG	ACC	TGT	CGG	AGT	CGT	GGG	GAT	TCC	CGA	CCT	GCC	432
A	G	V	P	G	N	L	T	C	R	S	R	G	D	S	R	P	A	
CCT	GAA	CTA	CTG	TGG	TTC	CGA	GAT	GGG	ATC	CGG	CTG	GAT	GCG	AGC	AGC	TTC	CAC	486
P	E	L	L	W	F	R	D	G	I	R	L	D	A	S	S	F	H	
CAG	ACC	ACG	CTG	AAG	GAC	AAG	GCC	ACT	GGA	ACA	GTG	GAA	AAC	ACC	TTA	TTC	CTG	540
Q	T	T	L	K	D	K	A	T	G	T	V	E	N	T	L	F	L	
ACC	CCT	TCC	AGT	CAT	GAT	GAT	GGC	GCC	ACC	TTG	ATC	TGC	AGA	GCG	CGA	AGC	CAG	594
T	P	S	S	H	D	D	G	A	T	L	I	C	R	A	R	S	Q	
GCC	CTG	CCC	ACA	GGG	AGG	GAC	ACA	GCT	GTT	ACA	CTG	AGC	CTT	CAG	TAT	CCC	CCA	648
A	L	P	T	G	R	D	T	A	V	T	L	S	L	Q	Y	P	P	
ATG	GTG	ACT	CTG	TCT	GCT	GAG	CCC	CAG	ACT	GTG	CAG	GAG	GGA	GAG	AAG	GTG	ACT	702
M	V	T	L	S	A	E	P	Q	T	V	Q	E	G	E	K	V	T	
TTC	CTG	TGT	CAA	GCC	ACT	GCC	CAG	CCT	CCT	GTC	ACT	GGC	TAC	AGG	TGG	GCG	AAG	756
F	L	C	Q	A	T	A	Q	P	P	V	T	G	Y	R	W	A	K	
GGG	GGA	TCC	CCG	GTG	CTC	GGG	GCA	CGT	GGG	CCA	AGG	TTG	GAG	GTC	GTT	GCA	GAT	810
G	G	S	P	V	L	G	A	R	G	P	R	L	E	V	V	A	D	
GCC	ACT	TTC	CTG	ACT	GAG	CCG	GTG	TCC	TGC	GAG	GTC	AGC	AAC	GCG	GTC	GGA	AGC	864
A	T	F	L	T	E	P	V	S	C	E	V	S	N	A	V	G	S	
GCC	AAC	CGC	AGC	ACG	GCG	CTG	GAA	GTG	TTG	TAT	GGA	CCC	ATT	CTG	CAG	GCA	AAA	918
A	N	R	S	T	A	L	E	V	L	Y	G	P	I	L	Q	A	K	
CCT	AAG	TCC	GTG	TCC	GTG	GAC	GTG	GGG	AAA	GAT	GCC	TCC	TTC	AGC	TGT	GTC	TGG	972
P	K	S	V	S	V	D	V	G	K	D	A	S	F	S	C	V	W	
CGC	GGG	AAC	CCA	CTT	CCA	CGG	ATA	ACC	TGG	ACC	CGC	ATG	GGT	GGC	TCT	CAG	GTG	1026
R	G	N	P	L	P	R	I	T	W	T	R	M	G	G	S	Q	V	
CTG	AGC	TCC	GGG	CCC	ACG	CTG	CGG	CTT	CCG	TCC	GTG	GCA	CTG	GAG	GAT	GCG	GGC	1080
L	S	S	G	P	T	L	R	L	P	S	V	A	L	E	D	A	G	
GAC	TAT	GTA	TGC	AGG	GCT	GAG	CCG	AGG	AGA	ACG	GGT	CTG	GGA	GGC	GGC	AAA	GCG	1134
D	Y	V	C	R	A	E	P	R	R	T	G	L	G	G	G	K	A	
CAG	GCG	AGG	CTG	ACT	GTG	AAC	GCA	CCC	CCT	GTA	GTG	ACA	GCC	CTG	CAA	CCT	GCA	1188
Q	A	R	L	T	V	N	A	P	P	V	V	T	A	L	Q	P	A	

图 4

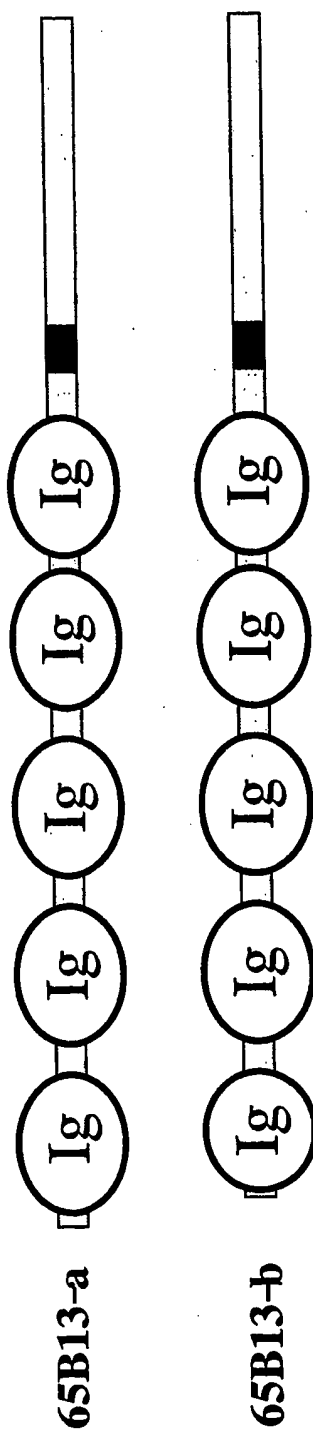
CCA	GCC	TTT	CTG	AGG	GGT	CCT	GCT	CGC	CTC	CAG	TGT	GTG	GTG	TTT	GCC	TCC	CCT	1242
P	A	F	L	R	G	P	A	R	L	Q	C	V	V	F	A	S	P	
GCC	CCA	GAC	TCG	GTG	GTT	TGG	TCT	TGG	GAC	GAG	GGC	TTC	TTG	GAG	GCA	GGC	TCA	1296
A	P	D	S	V	V	W	S	W	D	E	G	F	L	E	A	G	S	
CTG	GGC	AGG	TTC	CTA	GTG	GAA	GCC	TTC	CCA	GCC	CCG	GAA	GTG	GAG	GGG	GGA	CAG	1350
L	G	R	F	L	V	E	A	F	P	A	P	E	V	E	G	G	Q	
GGC	CCT	GGC	CTT	ATT	TCT	GTG	CTA	CAC	ATT	TCC	GGA	ACC	CAG	GAG	TCC	GAC	TTT	1404
G	P	G	L	I	S	V	L	H	I	S	G	T	Q	E	S	D	F	
ACC	ACC	GGC	TTC	AAC	TGC	AGT	GCC	CGC	AAC	CGG	CTA	GGA	GAG	GGA	CGA	GTC	CAG	1458
T	T	G	F	N	C	S	A	R	N	R	L	G	E	G	R	V	Q	
ATC	CAC	TTG	GGC	CGT	AGA	GAT	TTG	CTG	CCT	ACT	GTC	CGG	ATT	GTG	GCT	GGT	GCA	1512
I	H	L	G	R	R	D	L	L	P	T	V	R	I	V	A	G	A	
GCA	TCT	GCA	GCC	ACC	TCT	CTC	CTT	ATG	GTC	ATC	ACT	GGA	GTG	GTC	CTC	TGC	TGC	1566
A	S	A	A	T	S	L	L	M	V	I	T	G	V	V	L	C	C	
TGG	CGC	CAT	GGC	TCT	CTC	TCT	AAG	CAA	AAG	AAC	TTG	GTC	CGG	ATC	CCA	GGA	AGC	1620
W	R	H	G	S	L	S	K	Q	K	N	L	V	R	I	P	G	S	
AGC	GAG	GGT	TCC	AGT	TCA	CGT	GGC	CCT	GAG	GAG	GAG	ACA	GGC	AGC	AGT	GAG	GAC	1674
S	E	G	S	S	S	R	G	P	E	E	E	T	G	S	S	E	D	
CGG	GGT	CCC	ATT	GTG	CAC	ACC	GAC	CAC	AGT	GAT	TTG	GTT	CTT	GAG	GAA	AAA	GAG	1728
R	G	P	I	V	H	T	D	H	S	D	L	V	L	E	E	K	E	
GCT	CTG	GAG	ACA	AAG	GAT	CCA	ACC	AAC	GGT	TAC	TAC	AAG	GTT	CGA	GGG	GTC	AGT	1782
A	L	E	T	K	D	P	T	N	G	Y	Y	K	V	R	G	V	S	
GTG	AGC	CTT	AGC	CTT	GGG	GAA	GCT	CCT	GGA	GGA	GGC	CTC	TTC	TTG	CCA	CCG	CCC	1836
V	S	L	S	L	G	E	A	P	G	G	G	L	F	L	P	P	P	
TCT	CCG	ATC	GGT	CTC	CCA	GGG	ACT	CCT	ACT	TAC	TAT	GAC	TTC	AAG	CCA	CAT	CAG	1890
S	P	I	G	L	P	G	T	P	T	Y	Y	D	F	K	P	H	Q	
GAC	TTA	GTC	CCT	CCC	TGC	AGA	CTG	TAC	AGA	GCG	AGG	GCA	GGT	TAT	CTT	ACC	ACC	1944
D	L	V	P	P	C	R	L	Y	R	A	R	A	G	Y	L	T	T	
CCC	CAT	CCC	CGT	GCC	TTC	ACC	AGC	TAC	ATG	AAA	CCC	ACA	TCC	TTT	GGA	CCC	CCA	1998
P	H	P	R	A	F	T	S	Y	M	K	P	T	S	F	G	P	P	
GAT	TTG	AGC	TCT	GGA	ACT	CCC	CCC	TTC	CCG	TAT	GCT	ACC	TTG	TCT	CCA	CCC	AGC	2052
D	L	S	S	G	T	P	P	F	P	Y	A	T	L	S	P	P	S	
CAC	CAG	CGT	CTC	CAG	ACT	CAT	GTG	TGA	ATC	CAT	CTC	TCC	AAG	TGA	AGG	GTC	TTG	2106
H	Q	R	L	Q	T	H	V	*										
GAA	TCT	TCT	GTT	TGC	CAT	ATA	GTG	TGT	TGT	CCA	GAT	TTC	TGG	GGA	GTC	AGA	ACA	2160
AGT	TGA	TGA	CCA	ACC	CCT	CCA	AAA	CTG	AAC	ATT	GAA	GGA	GGG	AAA	GAT	CAT	TAC	2214
AAG	CAT	CAG	GAC	TGT	TGG	TGT	ACA	CTC	AG									2241

5 / 14

図 5

		10	20	30	40	50	
65B13-a	1	MLASALLVFI	CCFKGHAGSS	PHFLQOPEDM	VVLGGEARL	PCALGAYRGL	50
65B13-b	1	MLASALLVFI	CCFKGHAG--	-----	-----	-----	50
		60	70	80	90	100	
65B13-a	51	VQWTKDGLAL	GGERDLPCWS	RYWISGNSAS	GQHDLHIKPV	FLDEEASYEC	100
65B13-b	51	-----	-----WS	RYWISGNSAS	GQHDLHIKPV	ELEDEASYEC	100
		110	120	130	140	150	
65B13-a	101	QASQAGLRSH	PAQLHVMVPP	EAPQVLGGPS	VSLVAGVPCM	LTCSRSGDSR	150
65B13-b	101	QASQAGLRSH	PAQLHVMVPP	EAPQVLGGPS	VSLVAGVPCM	LTCSRSGDSR	150
		160	170	180	190	200	
65B13-a	151	PAPLLMFRD	GIRLDASSEH	QITLKDKATG	IVENTLFLTP	SSHDDGATLI	200
65B13-b	151	PAPLLMFRD	GIRLDASSEH	QITLKDKATG	IVENTLFLTP	SSHDDGATLI	200
		210	220	230	240	250	
65B13-a	201	CRARSOALPT	GRDTAVTSLI	QYPMVTLISA	EPQIVQEGEK	VTFLCQATAC	250
65B13-b	201	CRARSOALPT	GRDTAVTSLI	QYPMVTLISA	EPQIVQEGEK	VTFLCQATAC	250
		260	270	280	290	300	
65B13-a	251	PPVTGYRWAF	GGSPVLGARG	PRLEVADAT	FLTEPVSCCV	SNAVCSANRS	300
65B13-b	251	PPVTGYRWAF	GGSPVLGARG	PRLEVADAT	FLTEPVSCCV	SNAVCSANRS	300
		310	320	330	340	350	
65B13-a	301	TALEVLYGPI	LQAKPKSVSV	DVGKDAFSC	VWRGNPLPRI	TWTRMGGSQV	350
65B13-b	301	TALEVLYGPI	LQAKPKSVSV	DVGKDAFSC	VWRGNPLPRI	TWTRMGGSQV	350
		360	370	380	390	400	
65B13-a	351	LSSGPTLRLH	SVALEDAGDY	VCRAEPRRTG	ICGGKAQARI	TVNAPPVVT	400
65B13-b	351	LSSGPTLRLH	SVALEDAGDY	VCRAEPRRTG	ICGGKAQARI	TVNAPPVVT	400
		410	420	430	440	450	
65B13-a	401	LQPAPAFLRG	PARLQCVVFA	SPAPDSVWS	WDEGFLEAGS	LGRFLVEAFF	450
65B13-b	401	LQPAPAFLRG	PARLQCVVFA	SPAPDSVWS	WDEGFLEAGS	LGRFLVEAFF	450
		460	470	480	490	500	
65B13-a	451	APEVECGQGF	GIISVLIHISG	TOESDFTTGI	NCSARNRLGE	GRVQIHLGRF	500
65B13-b	451	APEVECGQGF	GIISVLIHISG	TOESDFTTGI	NCSARNRLGE	GRVQIHLGRF	500
		510	520	530	540	550	
65B13-a	501	DLLPIVRIVA	GAASAATSLI	MVITGVVLCC	WRIGSLSKQF	NLVRI PGSSS	550
65B13-b	501	DLLPIVRIVA	GAASAATSLI	MVITGVVLCC	WRIGSLSKQF	NLVRI PGSSS	550
		560	570	580	590	600	
65B13-a	551	GSSSRGPPEF	TGSSSDRGPI	VHTDHSDLVI	EEKHAIETKL	PTNYYKVRG	600
65B13-b	551	GSSSRGPPEF	TGSSSDRGPI	VHTDHSDLVI	EEKHAIETKL	PTNYYKVRG	600
		610	620	630	640	650	
65B13-a	601	VSVSLSLGEA	PGGGLFLPPF	SPIGLPGTPT	YYDFKPHLDL	VPPCRLYRAP	650
65B13-b	601	VSVSLSLGEA	PGGGLFLPPF	SPIGLPGTPT	YYDFKPHLDL	VPPCRLYRAP	650
		660	670	680	690	700	
65B13-a	651	AGYLTTPHPH	AFTSYMKPTS	FGPPDLSSGI	PPFPYATLSP	PSHORLQTHV	700
65B13-b	651	AGYLTTPHPH	AFTSYMKPTS	FGPPDLSSGI	PPFPYATLSP	PSHORLQTHV	700

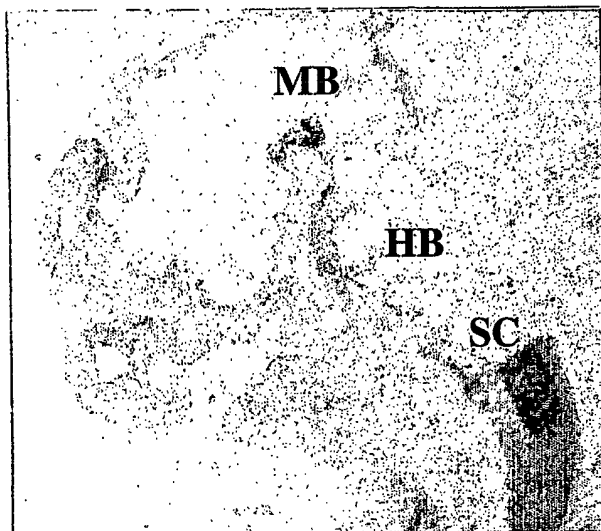
図 6



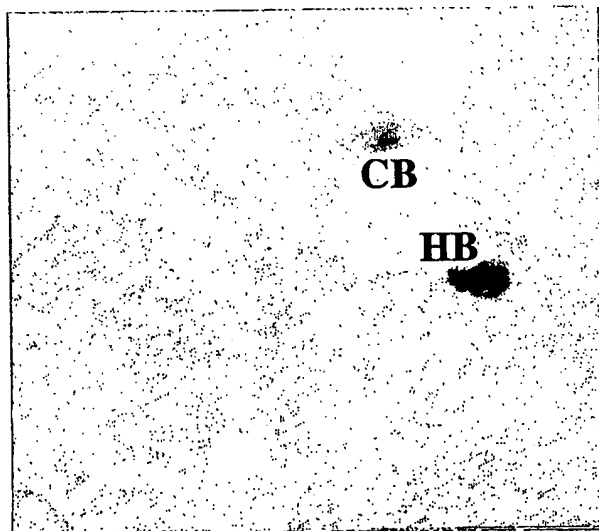
7 / 14

図 7

A

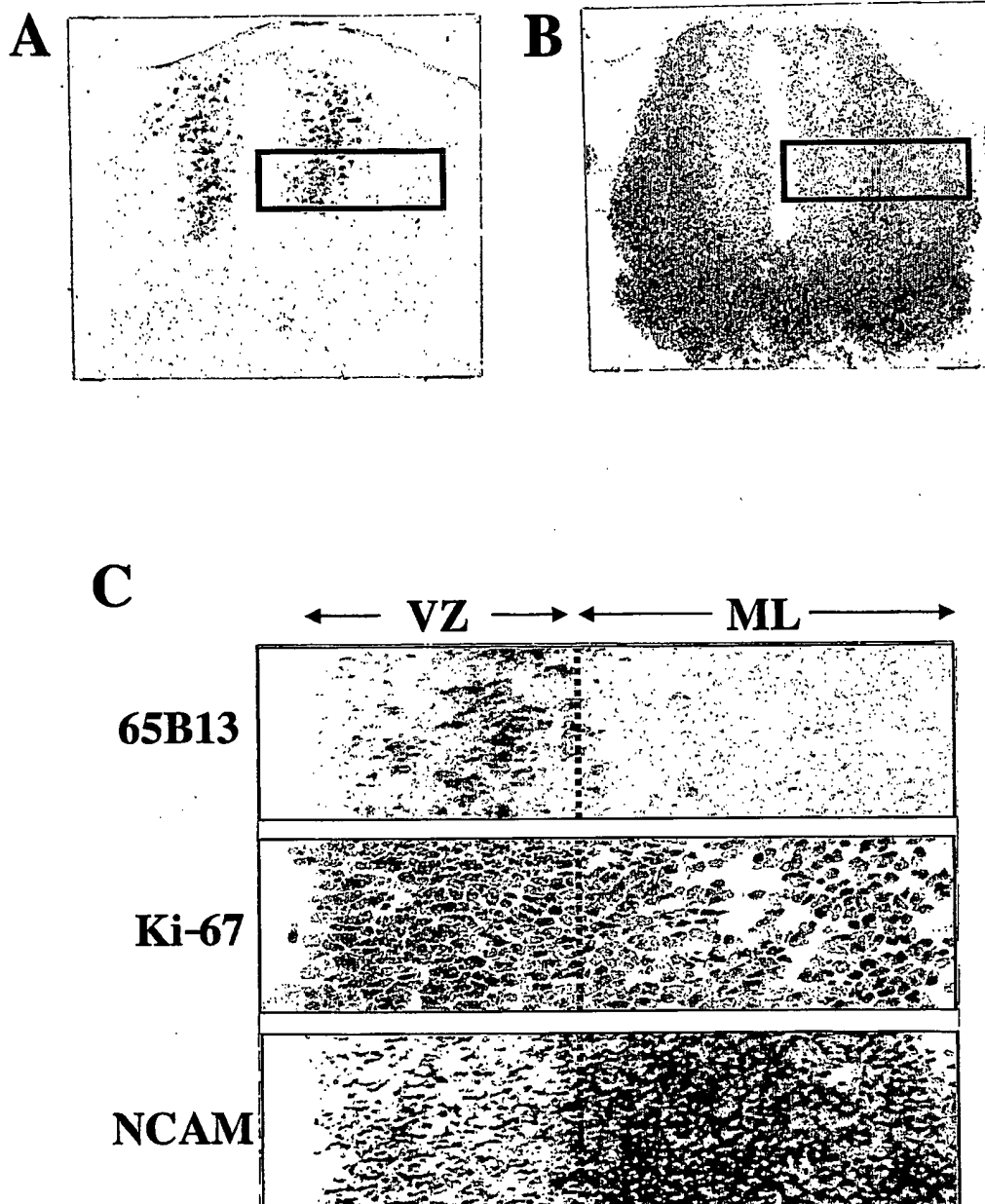


B



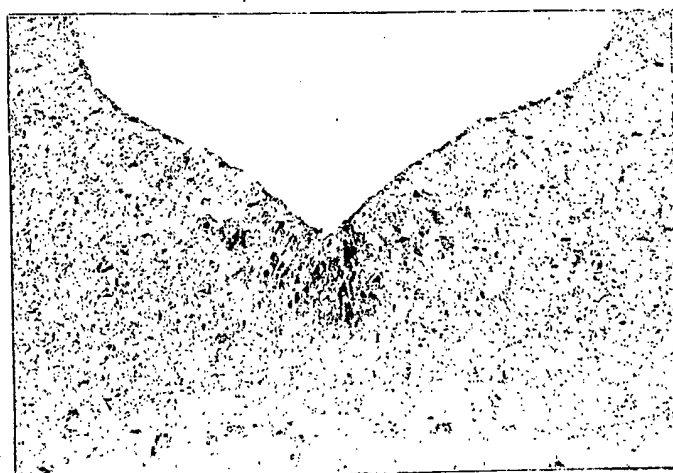
8 / 14

図 8

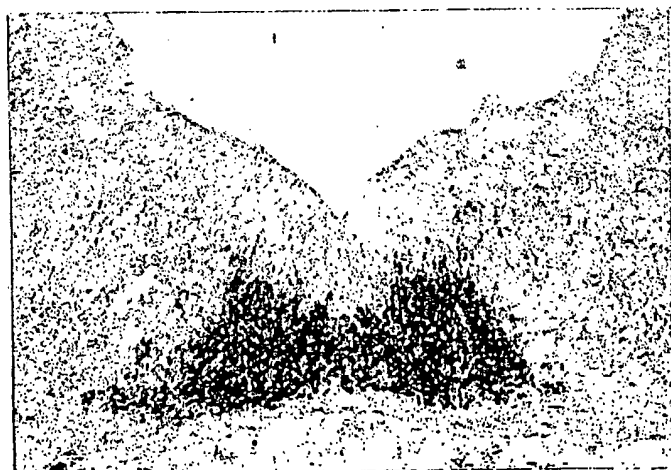


9

A



B



10 / 14

図 10

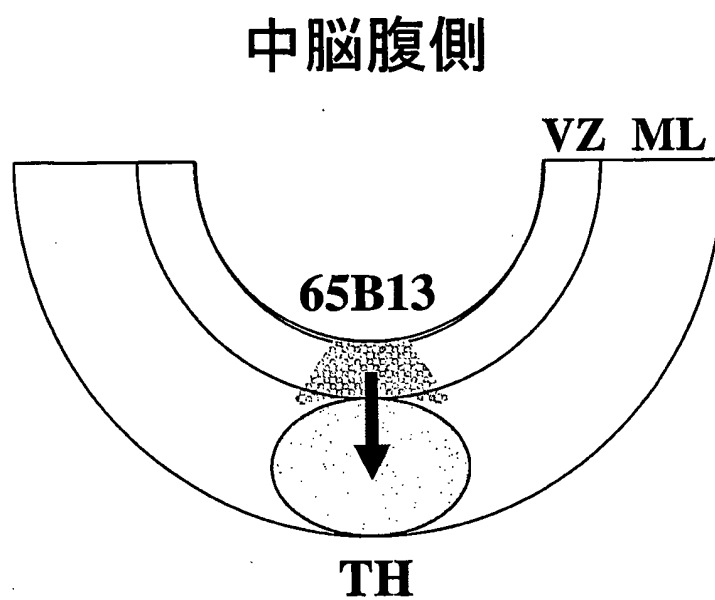
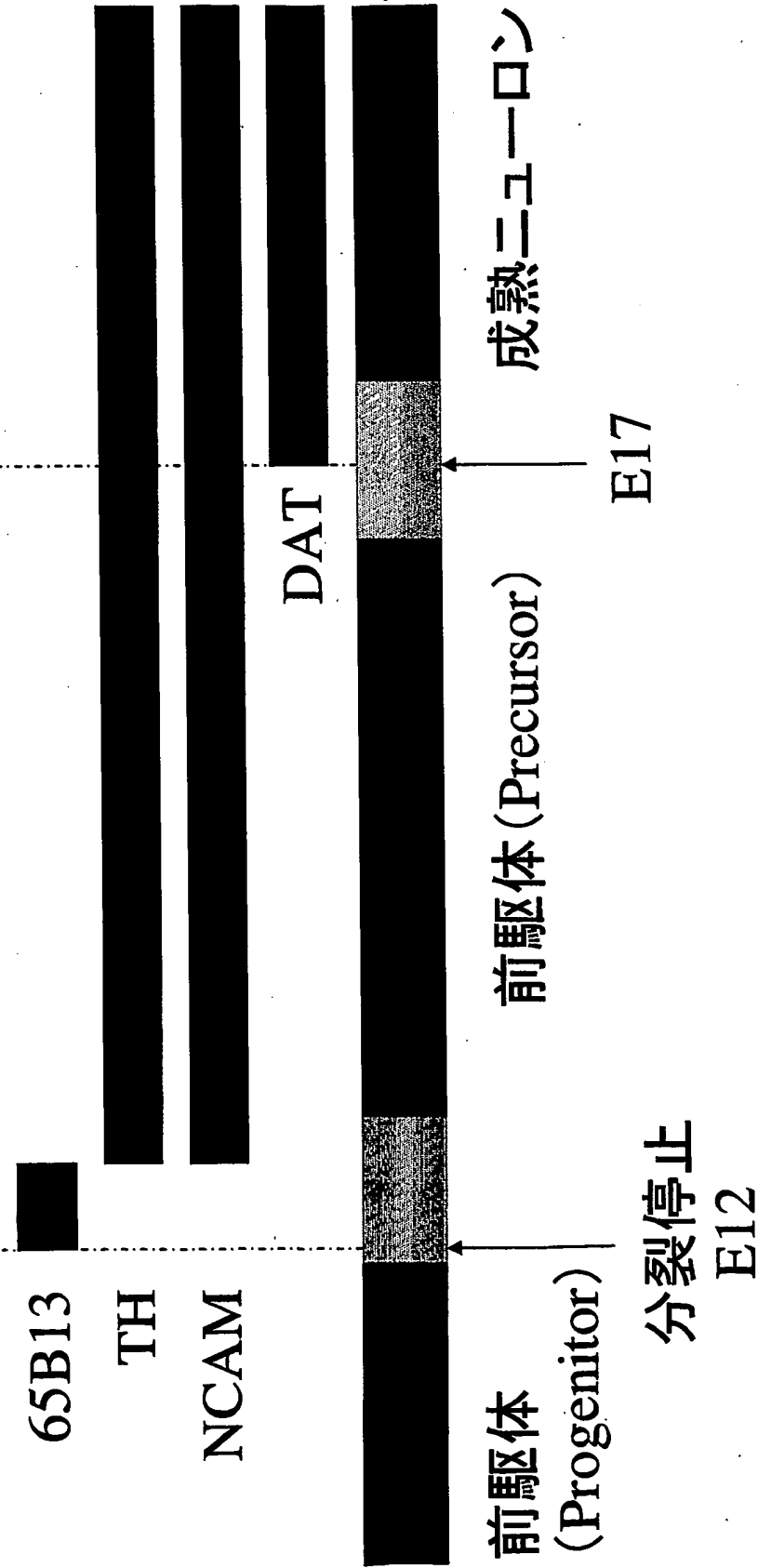
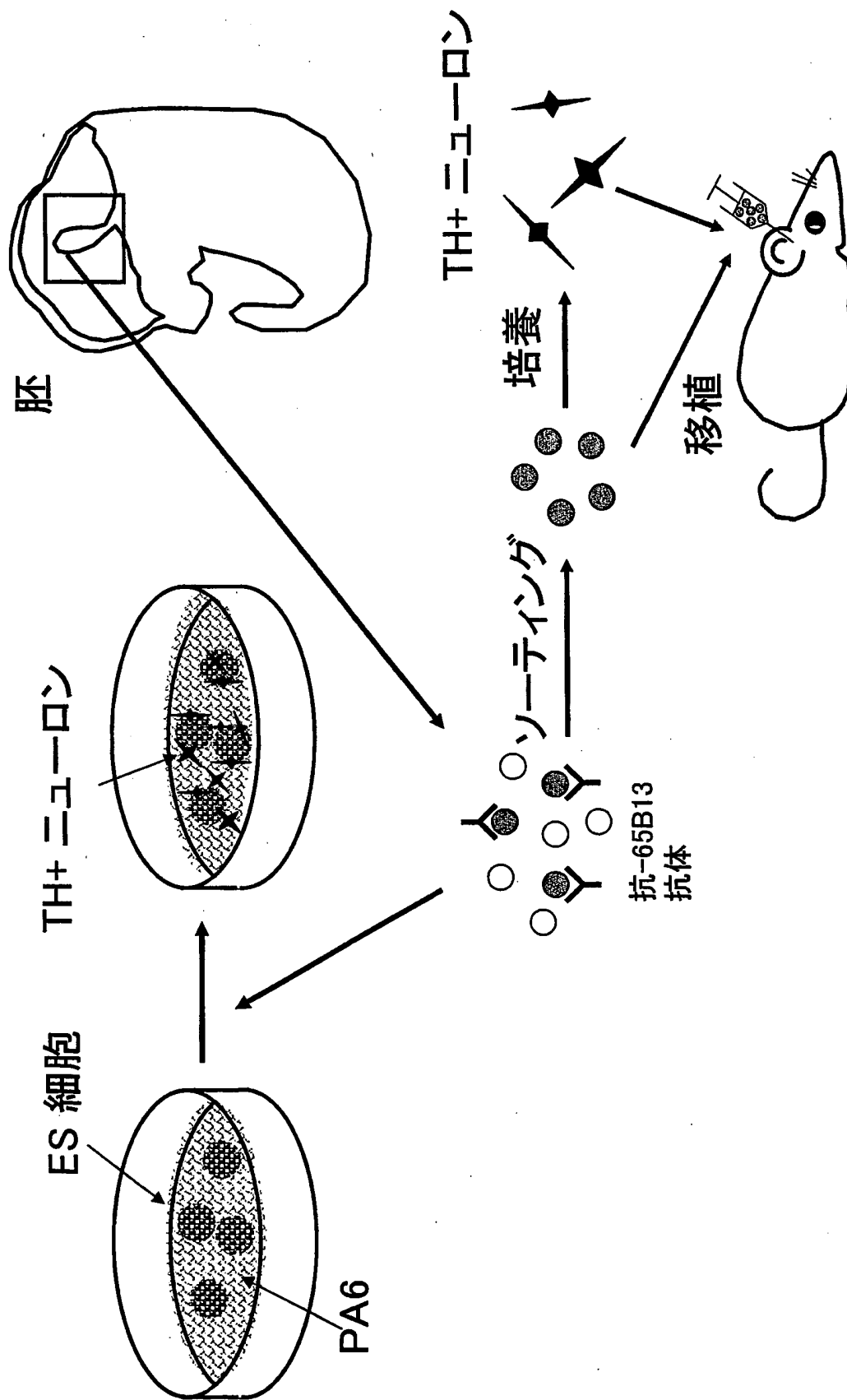


図 11



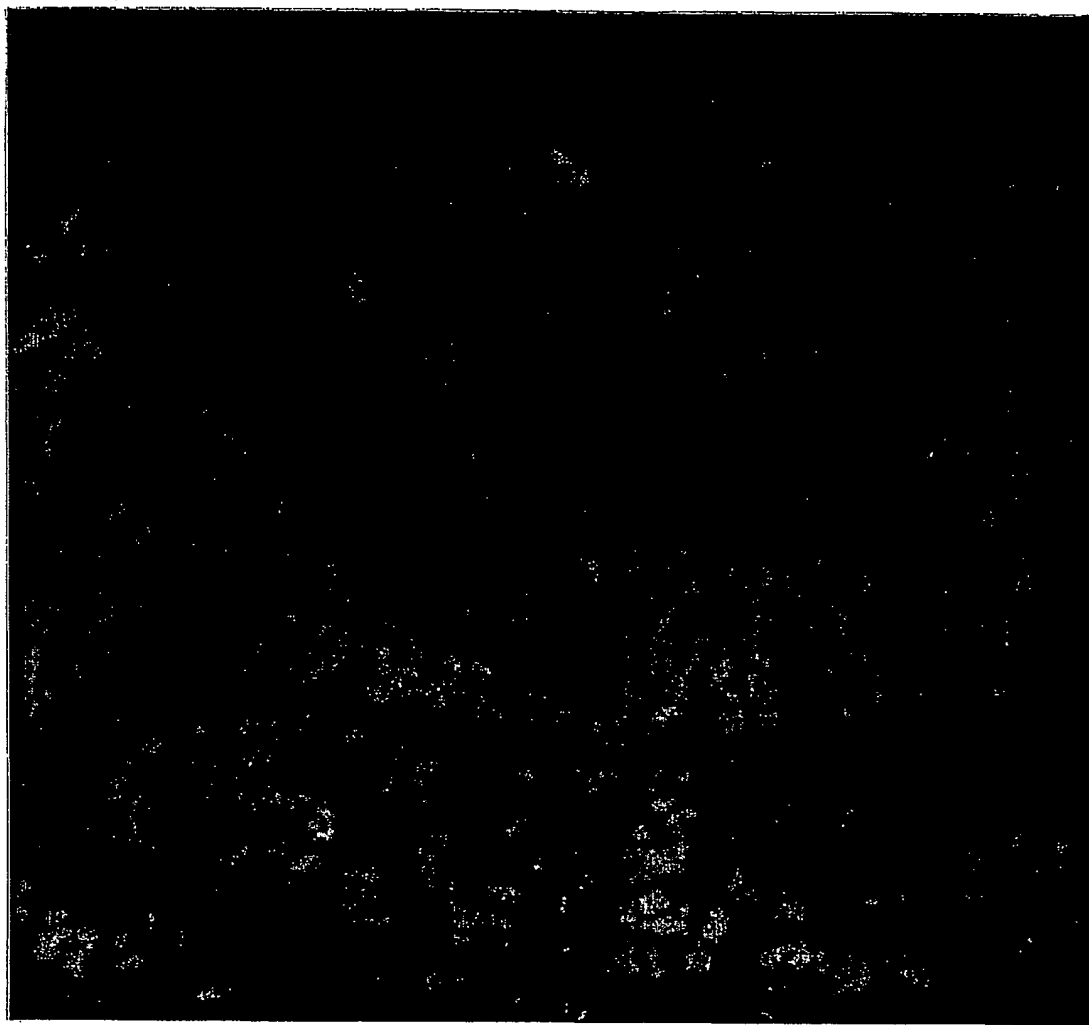
12 / 14

図 12



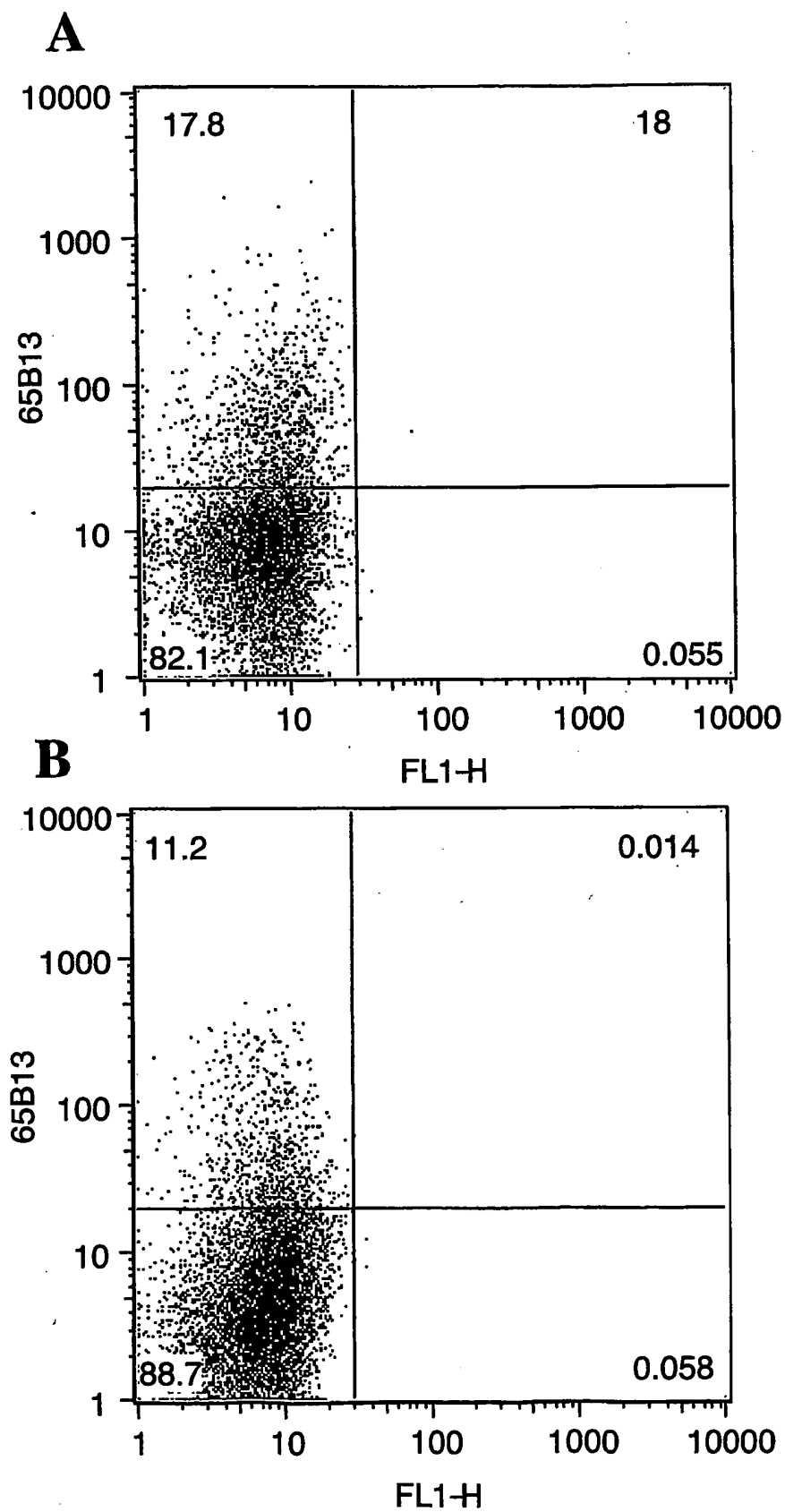
13/14

図 13



14 / 14

図 14



1 / 39

SEQUENCE LISTING

<110> Eisai Co., Ltd.

<120> Gene specifically expressed in postmitotic dopaminergic
neuronal precursor

<130> E1-A0203P

<150> JP 2002-307573

<151> 2002-10-22

<160> 28

<170> PatentIn Ver. 2.1

<210> 1

<211> 2876

<212> DNA

<213> mouse

<400> 1

gatgagccag atttcgggga ctctgggcca gacataaaat cticcagccc ggagagaatt 60
gtgtgcagag aggggctcca gtccagcgtg gtgtgagagg cgtgctatca agaaagaagt 120
tggaggggaa ccagtgcaac cctaactcta cgagatcttg gggtacacac actcgggatg 180
ctggcctccg cctcctcgt tttcctttgc tgtttcaaag gacatgcagg ctcatgccc 240

2 / 39

catttcctac aacagccaga ggacatggig gtgctgttgg gggaggaagc cgggtgccc 300
tgcgctctgg gcgcgtacag ggggctcgtg cagtggacta aggatgggct ggctctaggg 360
ggcgaaagag accttccagg gtggctccgg tactggatat cggggaattc agccagtggc 420
cagcatgacc tccacattaa gcctgtggaa tiggagatg aggcacgtia tgagtccag 480
gtttcgcaag caggctccg atcacgacca gcccaactgc acgtatggt cccccagaa 540
gttccccagg tactaggcgg cccctctgtg tctctggttg ctggagtcc tggaaatctg 600
acctgtcgga gtcgtgggga tccccacct gccctgaac tactgtggti ccgagatggg 660
atccggctgg atgcgagcag ctccaccag accacgtga aggacaaggc cactggaaca 720
gtggaaaaca cttattcct gaccccttcc agtcatgatg atggcgccac ctgatctgc 780
agagcgcgaa gccaggccct gccacaggg agggacacag ctgttacact gaccttcag 840
tatecccaa tggtagctct gtctgtgag cccagactg tgcaggaggg agagaagggtg 900
actttcctgt gtcaagccac tgcccagct cctgtcactg gctacagggt ggcaagggg 960
ggatccccgg tgctcggggc acgtgggcca aggttggagg tcgttcaga tgccactttc 1020
ctgactgagc cgggttctg cgaggtcagc aacgcggctg gaagcgcaa ccgcagcagc 1080
gcgtggaag tgttgtatgg accattctg caggcaaac ctaagtccgt gtccgtggac 1140
gtgggaaag atgcttctt cagctgtgtc tggcgcgga acccattcc acggataacc 1200
tggaccgca tgggtggctc tcaggtgtg agtccgggc ccacgtcgc gcttccgtcc 1260
gtggcactgg aggatgcggg cgactatgta tgcagggtc agccgaggag aacgggtctg 1320
ggaggcggca aagcgaggc gaggtgact gtgaacgcac cccctgtagt gacagccctg 1380
caacctgcac cagcctttct gaggggtcct gtcgcctcc agtgtgtgt gtttgcctcc 1440
cctgccccag actcgggtgt ttggtcttgg gacgagggt tcttggaggc aggtcactg 1500
ggcagggtcc tagtggaagc ctcccagcc ccggaagtgg aggggggaca gggccctggc 1560
cttattctg tgctacacat tccggaacc cagggtccg acttaccac cggttcaac 1620
tgcatgccc gcaaccggct aggagaggga cgatccaga tccacttggg ccgtagagat 1680
ttgtgccta ctgtccgat tgtggctgtg gcagatctg cagccacctc tctccttatg 1740
gtcatcactg gattgttct ctgtctgtg cgccatggct cctctctaa gcaaaagaac 1800

3 / 3 9

ttggtccgga tcccaggaag cagcgagggt tccagttcac gggccctga ggaggagaca 1860
 ggcagcagtg aggaccgggg tccattgtg cacaccgacc acagtgattt ggttcttgag 1920
 gaaaaagagg ctctggagac aaaggatcca accaacggtt actacaaggt tcgaggggtc 1980
 agtgtgagcc ttagccttgg ggaagctcct ggaggaggcc tcttcttgcc accgccctct 2040
 ccgatcggtc tcccagggac tctacttac tatgacttca agccacatct ggacttagtc 2100
 cctccctgca gactgtacag agcgagggca ggttatctta ccacccccca tccccgtgcc 2160
 ttaccagct acatgaaacc cacatccttt ggacccccag atttgagctc tggaactccc 2220
 ccttcccggt atgtacctt gtctccacc agccaccagc gtctccagac tcatgigtga 2280
 atccatctct ccaagtgaag ggtcttgga tcttctgttt gccatatagt gtgtgtcca 2340
 gatttctggg gattcagaac aagttagta ccaacccctc caaaactgaa catigaagga 2400
 gggaaagatc attacaagca tcaggactgt tgggtgtacac tcagttcagc caaagtggat 2460
 tctccaagtg ggagcaatat ggccgcttcc ccatgagaaa gacattcaag atggtgacta 2520
 aatgactaaa tactttgcag agggacaaag atgggaacta gggatacgga tggaagtagt 2580
 agagaagata tatgaccatc tgcattcaaga ggaaggataa catatgacaa atcaagatga 2640
 aagaaataat ccaccccacc cccaccggt cctggccaat aagtatagcc tacatggctg 2700
 ttcatatct gggaaccaa atggccacta tcttgactcc ttccttaaag atacagaaag 2760
 aattgaatcc aaggaatggg gtagggtgga aatagaagaa atgaagggga ctcttgggct 2820
 aagaatactt atgttttaata ataaaagggg gaggcaaaga tgcaaaaaaa aaaaaa 2876

<210> 2

<211> 2243

<212> DNA

<213> mouse

<400> 2

4 / 39

gagagaattg tgtgcagaga gaggtccag tccagcgtgg tgtgagaggc gigtatcaa 60
gaaagaagtt ggaggggaac cagtcaacc ctactctac gagatcttgg ggtacacaca 120
ctcgggatgc tggcctccgc cctcctcggt ttcttttgtt gtttcaaagg acatgcaggg 180
tggtcccgtt actggatata ggggaattca gccagtgccc agcatgacct ccacattaag 240
cctgtggaat tggaagatga ggcatcgtat gagtgccagg ctctgcaagc aggtctccga 300
tcacgaccag cccaactgca cgtgatggic cccccagaag ctccccaggt actaggcggc 360
ccctcttgtt ctctgggtgc tggagttcct ggaaatctga cctgtcggag tctgggggat 420
tccgacctg cccctgaact actgtggttc cgagatggga tccggctgga tgcgagcagc 480
ttccaccaga ccacgtgaa ggacaaggcc actggaacag tggaaaacac ctatttctg 540
accccttcca gtcattatga tggcgccacc ttgatctgca gagcgcaag ccaggccctg 600
cccacaggga gggacacagc tgttacctg agccttcagt atccccaat ggtgactctg 660
tctgtcagc cccagactgt gcaggaggga gagaaggatga ctttctgtg tcaagccact 720
gccagcctc ctgtcactgg ctacaggtag gcgaaggggg gatccccgtt gctcggggca 780
cgtgggcca ggttggaggt cgttcagat gccatttcc tgactagacc ggtgtcctgc 840
gaggtcagca acgcggtcgg aagcgccaac cgcagcacgg cgttgaagt gttgatgga 900
ccattctgc aggcaaaacc taagtccgtg tccgtggacg tgggaaaga tgcctcctc 960
agctgtgtt ggcgcgggaa cccatttcca cggataacct ggaccgcat ggttggctct 1020
caggtgtga gctccgggcc cagctcggc ctccgtccg tggcactgga ggtgcgggc 1080
gactatgtat gcagggtcga gccgaggaga acgggtcttg gaggcggcaa agcgcaggcg 1140
aggctgactg tgaacgcacc cctgtagt acagccctgc aacctgcacc agccttctg 1200
aggggtcctg ctgcctcca gtgtgtgtg ttgtctccc ctgcccaga ctgggtggtt 1260
tggtcttggg acgagggtt cttggaggca ggctcactgg gcaggttctt agtgaagcc 1320
ttcccagccc cggaagtga ggggggacag ggccctggcc ttatttctgt gctacacatt 1380
tccggaacct aggagtcga cttaccacc ggcttcaact gcagtcccc caaccggcta 1440
ggagagggac gattccagat ccacttgggc cgtagagatt tctgcctac tctccgatt 1500
gtggctgtg cagcatctgc agccacctt ctcttattg tcatcactgg agtggctctc 1560

5 / 3 9

tgctgtggc gccatggctc tctctctaag caaaagaact tggiccggat cccaggaagc 1620
 agcgagggtt ccagttcacg tggccctgag gaggagacag gcagcagtga ggaccggggt 1680
 cccattgtgc acaccgacca cagtgaattg gtcttgagg aaaaagaggc tctggagaca 1740
 aaggatccaa ccaacggtaa ctacaagggt cgaggggtca gtgtgagcct tagccttggg 1800
 gaagctcctg gaggaggcct cttcttgcca ccgccctctc cgatcgggtc cccagggact 1860
 cctacttact atgacttcaa gccacatcag gacttagtcc ctccctgcag actgtacaga 1920
 gcgagggcag gttatcttac cccccccat ccccgtcct tcaccagcta catgaaaccc 1980
 acatcctttg gacccccaga tttagctct ggaactcccc cttcccgta tgctaccttg 2040
 tctccacca gccaccagcg tctccagact catgtgtgaa tccatctctc caagtgaagg 2100
 gtcttggaa cttctgtttg ccatatagtg tgtgtgccag atttctgggg agtcagaaca 2160
 agttgatgac caaccctcc aaaactgaac attgaaggag ggaaagatca ttacaagcat 2220
 caggactgtt ggtgtacact cag 2243

<210> 3

<211> 700

<212> PRT

<213> mouse

<400> 3

Met Leu Ala Ser Ala Leu Leu Val Phe Leu Cys Cys Phe Lys Gly His

1

5

10

15

Ala Gly Ser Ser Pro His Phe Leu Gln Gln Pro Glu Asp Met Val Val

20

25

30

6 / 39

Leu Leu Gly Glu Glu Ala Arg Leu Pro Cys Ala Leu Gly Ala Tyr Arg

35

40

45

Gly Leu Val Gln Trp Thr Lys Asp Gly Leu Ala Leu Gly Gly Glu Arg

50

55

60

Asp Leu Pro Gly Trp Ser Arg Tyr Trp Ile Ser Gly Asn Ser Ala Ser

65

70

75

80

Gly Gln His Asp Leu His Ile Lys Pro Val Glu Leu Glu Asp Glu Ala

85

90

95

Ser Tyr Glu Cys Gln Ala Ser Gln Ala Gly Leu Arg Ser Arg Pro Ala

100

105

110

Gln Leu His Val Met Val Pro Pro Glu Ala Pro Gln Val Leu Gly Gly

115

120

125

Pro Ser Val Ser Leu Val Ala Gly Val Pro Gly Asn Leu Thr Cys Arg

130

135

140

Ser Arg Gly Asp Ser Arg Pro Ala Pro Glu Leu Leu Trp Phe Arg Asp

145

150

155

160

Gly Ile Arg Leu Asp Ala Ser Ser Phe His Gln Thr Thr Leu Lys Asp

165

170

175

7 / 39

Lys Ala Thr Gly Thr Val Glu Asn Thr Leu Phe Leu Thr Pro Ser Ser

180

185

190

His Asp Asp Gly Ala Thr Leu Ile Cys Arg Ala Arg Ser Gln Ala Leu

195

200

205

Pro Thr Gly Arg Asp Thr Ala Val Thr Leu Ser Leu Gln Tyr Pro Pro

210

215

220

Met Val Thr Leu Ser Ala Glu Pro Gln Thr Val Gln Glu Gly Glu Lys

225

230

235

240

Val Thr Phe Leu Cys Gln Ala Thr Ala Gln Pro Pro Val Thr Gly Tyr

245

250

255

Arg Trp Ala Lys Gly Gly Ser Pro Val Leu Gly Ala Arg Gly Pro Arg

260

265

270

Leu Glu Val Val Ala Asp Ala Thr Phe Leu Thr Glu Pro Val Ser Cys

275

280

285

Glu Val Ser Asn Ala Val Gly Ser Ala Asn Arg Ser Thr Ala Leu Glu

290

295

300

Val Leu Tyr Gly Pro Ile Leu Gln Ala Lys Pro Lys Ser Val Ser Val

8 / 3 9

305 310 315 320

Asp Val Gly Lys Asp Ala Ser Phe Ser Cys Val Trp Arg Gly Asn Pro

325 330 335

Leu Pro Arg Ile Thr Trp Thr Arg Met Gly Gly Ser Gln Val Leu Ser

340 345 350

Ser Gly Pro Thr Leu Arg Leu Pro Ser Val Ala Leu Glu Asp Ala Gly

355 360 365

Asp Tyr Val Cys Arg Ala Glu Pro Arg Arg Thr Gly Leu Gly Gly Gly

370 375 380

Lys Ala Gln Ala Arg Leu Thr Val Asn Ala Pro Pro Val Val Thr Ala

385 390 395 400

Leu Gln Pro Ala Pro Ala Phe Leu Arg Gly Pro Ala Arg Leu Gln Cys

405 410 415

Val Val Phe Ala Ser Pro Ala Pro Asp Ser Val Val Trp Ser Trp Asp

420 425 430

Glu Gly Phe Leu Glu Ala Gly Ser Leu Gly Arg Phe Leu Val Glu Ala

435 440 445

9 / 39

Phe Pro Ala Pro Glu Val Glu Gly Gly Gln Gly Pro Gly Leu Ile Ser

450

455

460

Val Leu His Ile Ser Gly Thr Gln Glu Ser Asp Phe Thr Thr Gly Phe

465

470

475

480

Asn Cys Ser Ala Arg Asn Arg Leu Gly Glu Gly Arg Val Gln Ile His

485

490

495

Leu Gly Arg Arg Asp Leu Leu Pro Thr Val Arg Ile Val Ala Gly Ala

500

505

510

Ala Ser Ala Ala Thr Ser Leu Leu Met Val Ile Thr Gly Val Val Leu

515

520

525

Cys Cys Trp Arg His Gly Ser Leu Ser Lys Gln Lys Asn Leu Val Arg

530

535

540

Ile Pro Gly Ser Ser Glu Gly Ser Ser Ser Arg Gly Pro Glu Glu Glu

545

550

555

560

Thr Gly Ser Ser Glu Asp Arg Gly Pro Ile Val His Thr Asp His Ser

565

570

575

Asp Leu Val Leu Glu Glu Lys Glu Ala Leu Glu Thr Lys Asp Pro Thr

580

585

590

10/39

Asn Gly Tyr Tyr Lys Val Arg Gly Val Ser Val Ser Leu Ser Leu Gly

595

600

605

Glu Ala Pro Gly Gly Gly Leu Phe Leu Pro Pro Pro Ser Pro Ile Gly

610

615

620

Leu Pro Gly Thr Pro Thr Tyr Tyr Asp Phe Lys Pro His Leu Asp Leu

625

630

635

640

Val Pro Pro Cys Arg Leu Tyr Arg Ala Arg Ala Gly Tyr Leu Thr Thr

645

650

655

Pro His Pro Arg Ala Phe Thr Ser Tyr Met Lys Pro Thr Ser Phe Gly

660

665

670

Pro Pro Asp Leu Ser Ser Gly Thr Pro Pro Phe Pro Tyr Ala Thr Leu

675

680

685

Ser Pro Pro Ser His Gln Arg Leu Gln Thr His Val

690

695

700

<210> 4

<211> 650

<212> PRT

11/39

<213> mouse

<400> 4

Met Leu Ala Ser Ala Leu Leu Val Phe Leu Cys Cys Phe Lys Gly His

1

5

10

15

Ala Gly Trp Ser Arg Tyr Trp Ile Ser Gly Asn Ser Ala Ser Gly Gln

20

25

30

His Asp Leu His Ile Lys Pro Val Glu Leu Glu Asp Glu Ala Ser Tyr

35

40

45

Glu Cys Gln Ala Ser Gln Ala Gly Leu Arg Ser Arg Pro Ala Gln Leu

50

55

60

His Val Met Val Pro Pro Glu Ala Pro Gln Val Leu Gly Gly Pro Ser

65

70

75

80

Val Ser Leu Val Ala Gly Val Pro Gly Asn Leu Thr Cys Arg Ser Arg

85

90

95

Gly Asp Ser Arg Pro Ala Pro Glu Leu Leu Trp Phe Arg Asp Gly Ile

100

105

110

Arg Leu Asp Ala Ser Ser Phe His Gln Thr Thr Leu Lys Asp Lys Ala

115

120

125

1 2 / 3 9

Thr Gly Thr Val Glu Asn Thr Leu Phe Leu Thr Pro Ser Ser His Asp

130

135

140

Asp Gly Ala Thr Leu Ile Cys Arg Ala Arg Ser Gln Ala Leu Pro Thr

145

150

155

160

Gly Arg Asp Thr Ala Val Thr Leu Ser Leu Gln Tyr Pro Pro Met Val

165

170

175

Thr Leu Ser Ala Glu Pro Gln Thr Val Gln Glu Gly Glu Lys Val Thr

180

185

190

Phe Leu Cys Gln Ala Thr Ala Gln Pro Pro Val Thr Gly Tyr Arg Trp

195

200

205

Ala Lys Gly Gly Ser Pro Val Leu Gly Ala Arg Gly Pro Arg Leu Glu

210

215

220

Val Val Ala Asp Ala Thr Phe Leu Thr Glu Pro Val Ser Cys Glu Val

225

230

235

240

Ser Asn Ala Val Gly Ser Ala Asn Arg Ser Thr Ala Leu Glu Val Leu

245

250

255

Tyr Gly Pro Ile Leu Gln Ala Lys Pro Lys Ser Val Ser Val Asp Val

1 3 / 3 9

260

265

270

Gly Lys Asp Ala Ser Phe Ser Cys Val Trp Arg Gly Asn Pro Leu Pro

275

280

285

Arg Ile Thr Trp Thr Arg Met Gly Gly Ser Gln Val Leu Ser Ser Gly

290

295

300

Pro Thr Leu Arg Leu Pro Ser Val Ala Leu Glu Asp Ala Gly Asp Tyr

305

310

315

320

Val Cys Arg Ala Glu Pro Arg Arg Thr Gly Leu Gly Gly Gly Lys Ala

325

330

335

Gln Ala Arg Leu Thr Val Asn Ala Pro Pro Val Val Thr Ala Leu Gln

340

345

350

Pro Ala Pro Ala Phe Leu Arg Gly Pro Ala Arg Leu Gln Cys Val Val

355

360

365

Phe Ala Ser Pro Ala Pro Asp Ser Val Val Trp Ser Trp Asp Glu Gly

370

375

380

Phe Leu Glu Ala Gly Ser Leu Gly Arg Phe Leu Val Glu Ala Phe Pro

385

390

395

400

14 / 39

Ala Pro Glu Val Glu Gly Gly Gln Gly Pro Gly Leu Ile Ser Val Leu

405

410

415

His Ile Ser Gly Thr Gln Glu Ser Asp Phe Thr Thr Gly Phe Asn Cys

420

425

430

Ser Ala Arg Asn Arg Leu Gly Glu Gly Arg Val Gln Ile His Leu Gly

435

440

445

Arg Arg Asp Leu Leu Pro Thr Val Arg Ile Val Ala Gly Ala Ala Ser

450

455

460

Ala Ala Thr Ser Leu Leu Met Val Ile Thr Gly Val Val Leu Cys Cys

465

470

475

480

Trp Arg His Gly Ser Leu Ser Lys Gln Lys Asn Leu Val Arg Ile Pro

485

490

495

Gly Ser Ser Glu Gly Ser Ser Ser Arg Gly Pro Glu Glu Glu Thr Gly

500

505

510

Ser Ser Glu Asp Arg Gly Pro Ile Val His Thr Asp His Ser Asp Leu

515

520

525

Val Leu Glu Glu Lys Glu Ala Leu Glu Thr Lys Asp Pro Thr Asn Gly

530

535

540

15 / 39

Tyr Tyr Lys Val Arg Gly Val Ser Val Ser Leu Ser Leu Gly Glu Ala

545

550

555

560

Pro Gly Gly Gly Leu Phe Leu Pro Pro Pro Ser Pro Ile Gly Leu Pro

565

570

575

Gly Thr Pro Thr Tyr Tyr Asp Phe Lys Pro His Gln Asp Leu Val Pro

580

585

590

Pro Cys Arg Leu Tyr Arg Ala Arg Ala Gly Tyr Leu Thr Thr Pro His

595

600

605

Pro Arg Ala Phe Thr Ser Tyr Met Lys Pro Thr Ser Phe Gly Pro Pro

610

615

620

Asp Leu Ser Ser Gly Thr Pro Pro Phe Pro Tyr Ala Thr Leu Ser Pro

625

630

635

640

Pro Ser His Gln Arg Leu Gln Thr His Val

645

650

<210> 5

<211> 2980

<212> DNA

16 / 39

<213> Homo sapiens

<400> 5

cccagagacc caggccgcgg aactggcagg cgtttcagag cgtcagaggc tgcggatgag 60
cagacttgga ggactccagg ccagagacta ggctgggcga agagtcgagc gtgaaggggg 120
ctccggggcca ggggtgacagg aggcgtgctt gagaggaaga agttgacggg aaggccagtg 180
cgacggcaaa tctcgtgaac ctggggggac gaatgctcag gatgcgggtc cccgcccctc 240
tcgtctctct cttctgcttc agagggagag caggcccgtc gcccatttc ctgcaacagc 300
cagaggacct ggtgggtgctg ctgggggagg aagcccggct gccgtigtct ctgggcgcct 360
actgggggct agttcagtgg actaagagtg ggctggccct agggggccaa agggacctac 420
cagggtggtc ccggtactgg atatcagga atgcagccaa tggccagcat gacctccaca 480
ttaggcccgt ggagctagag gatgaagcat catatgaatg tcaggctaca caagcaggcc 540
tccgtccag accagcccaa ctgcacgtgc tggcccccc agaagcccc cagggtgttg 600
gggccccctc tgtgtctctg gttgtctggag ttcttcgaa cctgacatgt cggagccgtg 660
gggatgcccg ccttaccct gaattgctgt ggttcgaga tggggtcctg ttggatggag 720
ccaccttcca tcagaccctg ctgaaggaag ggaccctgg gtcagtggag agcaccttaa 780
ccctgacccc tticagccat gatgatggag ccacctttgt ctgccgggcc cggagccagg 840
ccctgccac aggaagagac acagctatca cactgagcct gcagtacccc ccagaggiga 900
ctctgtctgc ttgccacac actgtgcagg agggagagaa ggtcatttct ctgtgccagg 960
ccacagccca gcctccgtc acaggctaca ggtgggcaaa agggggctct ccggtgctcg 1020
gggcccgcgg gccaaaggta gaggtcgtgg cagacgcctc gttctgact gagcccgtgt 1080
cctgcgaggt cagcaacgcc gtgggtagcg ccaaccgcag tactgcgctg gatgtgctgt 1140
ttgggccgat tctgcaggca aagccggagc ccggttcgtt ggacgtgggg gaagacgctt 1200
ccttcagctg cgcttgccgc gggaacccgc ttccacgggt aacctggacc cgccgcggtg 1260
gcgcgcaggt gctgggctct ggagccacac tgcgtcttcc gtcggtgggg cccgaggacg 1320
caggcgacta tgtgtgcaga gctgaggctg ggctatcggg cctgcggggc ggccgcgcgg 1380

17/39

aggctcggct gactgtgaac gctccccag tagtgaccgc cctgcactct ggcctgcct 1440
tcttgagggg ccttgctcgc ctccagtgtc tggttttcgc ctctcccgcc ccagatgccg 1500
tggcttggtc ttgggatgag ggcttccctgg aggcggggtc gcagggccgg ttcctgggtg 1560
agacattccc tgcgccagag agccgcgggg gactgggtcc gggcctgac tctgtgctac 1620
acatttcggg gaccaggag tctgacttta gcaggagctt taactgcagt gcccgaacc 1680
ggctggggca gggagggtgcc caggccagcc tgggccgtag agacttgctg cccactigtc 1740
ggatagtggc cggagtggcc gctgccacca caactctctt tatggtcac actggggigg 1800
ccctctgctg ctggcgccac agcaaggcct cagcctcttt ctccgagca aagaacciga 1860
tgcgaatccc tggcagcagc gacggctcca gtacagagg tctgaagaa gaggagacag 1920
gcagccgca ggaccggggc ccatigtgc acactgacca cagtgtctg gtctggagg 1980
agaaaggac tctggagacc aaggaccaa ccaacggta ctacaaggtc cgaggagtca 2040
gtgtgagcct gagccttggc gaagcccctg gaggaggctt ctctctgcca ccacctccc 2100
cccttgggcc cccagggacc cctacctct atgacttcaa cccacacctg ggcatggtec 2160
ccccctgcag actttacaga gccagggcag gctatctac cacacccac cctcgagctt 2220
tcaccagct catcaaacc acatccttg ggcgccaga tctggcccc gggactcccc 2280
ccttccata tgcctgctt cccacacct gccaccgct tctccagact cactgtgac 2340
atctttcaa tgaagagtc ctgggtctc caacttgcca taatggattg tctgatttc 2400
tgaggcgcca ggacaagttg gcgacctac tcttccaaa ctgaacaca ggggaggga 2460
agatcattac attgtcagg agcatttgta tacagtcagc tcagccaaag gagatgcccc 2520
aagtgggagc aacatggcca ccaatatgc ccacctatc cccggtgtaa aagagattca 2580
agatggcagg taggccctt gaggagagat ggggacagg cagtgggtgt tgggagttg 2640
gggccgggat ggaagtgtt tctagccact gaaagaagat attcaagat gaccatctgc 2700
atigagagga aaggtagcat aggatagatg aagatgaaga gcataccagg cccacccig 2760
gtctccctg aggggaactt tgcctggcca atggaaatgc agccaagatg gccatatact 2820
ccctaggaac ccaagatggc caccatcttg attttacttt ccitaaagac tcagaaagac 2880
ttggaccaa ggagtggga tacagtgaga attaccactg ttggggcaaa atatiggat 2940

18 / 39

aaaaatattt atgtttaata ataaaaaaaa gtcaaagagg

2980

<210> 6

<211> 708

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 6

Met Leu Arg Met Arg Val Pro Ala Leu Leu Val Leu Leu Phe Cys Phe

1 5 10 15

Arg Gly Arg Ala Gly Pro Ser Pro His Phe Leu Gln Gln Pro Glu Asp

20 25 30

Leu Val Val Leu Leu Gly Glu Glu Ala Arg Leu Pro Cys Ala Leu Gly

35 40 45

Ala Tyr Trp Gly Leu Val Gln Trp Thr Lys Ser Gly Leu Ala Leu Gly

50 55 60

Gly Gln Arg Asp Leu Pro Gly Trp Ser Arg Tyr Trp Ile Ser Gly Asn

65 70 75 80

Ala Ala Asn Gly Gln His Asp Leu His Ile Arg Pro Val Glu Leu Glu

85 90 95

19 / 39

Asp Glu Ala Ser Tyr Glu Cys Gln Ala Thr Gln Ala Gly Leu Arg Ser

100

105

110

Arg Pro Ala Gln Leu His Val Leu Val Pro Pro Glu Ala Pro Gln Val

115

120

125

Leu Gly Gly Pro Ser Val Ser Leu Val Ala Gly Val Pro Ala Asn Leu

130

135

140

Thr Cys Arg Ser Arg Gly Asp Ala Arg Pro Thr Pro Glu Leu Leu Trp

145

150

155

160

Phe Arg Asp Gly Val Leu Leu Asp Gly Ala Thr Phe His Gln Thr Leu

165

170

175

Leu Lys Glu Gly Thr Pro Gly Ser Val Glu Ser Thr Leu Thr Leu Thr

180

185

190

Pro Phe Ser His Asp Asp Gly Ala Thr Phe Val Cys Arg Ala Arg Ser

195

200

205

Gln Ala Leu Pro Thr Gly Arg Asp Thr Ala Ile Thr Leu Ser Leu Gln

210

215

220

Tyr Pro Pro Glu Val Thr Leu Ser Ala Ser Pro His Thr Val Gln Glu

20 / 39

225

230

235

240

Gly Glu Lys Val Ile Phe Leu Cys Gln Ala Thr Ala Gln Pro Pro Val

245

250

255

Thr Gly Tyr Arg Trp Ala Lys Gly Gly Ser Pro Val Leu Gly Ala Arg

260

265

270

Gly Pro Arg Leu Glu Val Val Ala Asp Ala Ser Phe Leu Thr Glu Pro

275

280

285

Val Ser Cys Glu Val Ser Asn Ala Val Gly Ser Ala Asn Arg Ser Thr

290

295

300

Ala Leu Asp Val Leu Phe Gly Pro Ile Leu Gln Ala Lys Pro Glu Pro

305

310

315

320

Val Ser Val Asp Val Gly Glu Asp Ala Ser Phe Ser Cys Ala Trp Arg

325

330

335

Gly Asn Pro Leu Pro Arg Val Thr Trp Thr Arg Arg Gly Gly Ala Gln

340

345

350

Val Leu Gly Ser Gly Ala Thr Leu Arg Leu Pro Ser Val Gly Pro Glu

355

360

365

21 / 39

Asp Ala Gly Asp Tyr Val Cys Arg Ala Glu Ala Gly Leu Ser Gly Leu

370

375

380

Arg Gly Gly Ala Ala Glu Ala Arg Leu Thr Val Asn Ala Pro Pro Val

385

390

395

400

Val Thr Ala Leu His Ser Ala Pro Ala Phe Leu Arg Gly Pro Ala Arg

405

410

415

Leu Gln Cys Leu Val Phe Ala Ser Pro Ala Pro Asp Ala Val Val Trp

420

425

430

Ser Trp Asp Glu Gly Phe Leu Glu Ala Gly Ser Gln Gly Arg Phe Leu

435

440

445

Val Glu Thr Phe Pro Ala Pro Glu Ser Arg Gly Gly Leu Gly Pro Gly

450

455

460

Leu Ile Ser Val Leu His Ile Ser Gly Thr Gln Glu Ser Asp Phe Ser

465

470

475

480

Arg Ser Phe Asn Cys Ser Ala Arg Asn Arg Leu Gly Glu Gly Gly Ala

485

490

495

Gln Ala Ser Leu Gly Arg Arg Asp Leu Leu Pro Thr Val Arg Ile Val

500

505

510

22 / 39

Ala Gly Val Ala Ala Ala Thr Thr Thr Leu Leu Met Val Ile Thr Gly

515

520

525

Val Ala Leu Cys Cys Trp Arg His Ser Lys Ala Ser Ala Ser Phe Ser

530

535

540

Glu Gln Lys Asn Leu Met Arg Ile Pro Gly Ser Ser Asp Gly Ser Ser

545

550

555

560

Ser Arg Gly Pro Glu Glu Glu Glu Thr Gly Ser Arg Glu Asp Arg Gly

565

570

575

Pro Ile Val His Thr Asp His Ser Asp Leu Val Leu Glu Glu Lys Gly

580

585

590

Thr Leu Glu Thr Lys Asp Pro Thr Asn Gly Tyr Tyr Lys Val Arg Gly

595

600

605

Val Ser Val Ser Leu Ser Leu Gly Glu Ala Pro Gly Gly Gly Leu Phe

610

615

620

Leu Pro Pro Pro Ser Pro Leu Gly Pro Pro Gly Thr Pro Thr Phe Tyr

625

630

635

640

Asp Phe Asn Pro His Leu Gly Met Val Pro Pro Cys Arg Leu Tyr Arg

23 / 39

645

650

655

Ala Arg Ala Gly Tyr Leu Thr Thr Pro His Pro Arg Ala Phe Thr Ser

660

665

670

Tyr Ile Lys Pro Thr Ser Phe Gly Pro Pro Asp Leu Ala Pro Gly Thr

675

680

685

Pro Pro Phe Pro Tyr Ala Ala Phe Pro Thr Pro Ser His Pro Arg Leu

690

695

700

Gln Thr His Val

705

<210> 7

<211> 2976

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 7

gggaactggc aggcgtttca gagcgtcaga ggctgcggat gagcagactt ggaggactcc 60
 aggccagaga ctaggctggg cgaagagtcg agcgtgaagg gggctccggg ccagggtgac 120
 aggaggcgtg cttgagagga agaagttgac gggaaggcca gtgcgacggc aaatctcgtg 180
 aaccttgggg gacgaatgct caggatgcgg gtccccgccc tcctcgtcct cctcttctgc 240
 tttagaggga gagcaggccc gtcgccccat ttcttgcaac agccagagga cctggtggtg 300

24 / 39

ctgctggggg aggaagcccg gctgccgtgt gctctgggcg cctactgggg gctagttag 360
tggactaaga gtgggctggc cctagggggc caaagggacc taccagggtg gtcccgttac 420
tggatatcag ggaatgcagc caatggccag catgacctcc acattaggcc cgtggagcta 480
gaggatgaag catcataiga atgtcaggct acacaagcag gcctccgctc cagaccagcc 540
caactgcacg tgctgggtccc ccagaagcc cccagggtgc tggcgggccc ctctgtgtct 600
ctggttgtct gagttcctgc gaacctgaca tgtcggagcc gtggggatgc ccgcccigcc 660
cctgaattgc tgtggttccg agatggggtc ctgttggatg gagccacctt ccatcagacc 720
ctgctgaagg aagggacccc tgggtcagtg gagagcacct taacctgac cccctttcag 780
ccatgatgat ggagccacct ttgtctgccg ggcccggagc caggcccigc ccacaggaag 840
agacacagct atcacactga gcctgcagta cccccagag gtgactctgt ctgcttcgcc 900
acacactgtg caggagggag agaaggctcat tttcctgtgc caggccacag ccagccctcc 960
tgtcacaggc tacagggtggg caaaaggggg ctctccggtg ctcgggggccc gcgggccaag 1020
gttagaggtc gtggcagacg cctcgcttct gactgagccc gtgtcctgcg aggtcagcaa 1080
cgccgtgggt agcgccaacc gcagtaactgc gctggatgtg ctgtttgggc cgattctgca 1140
ggcaaagccg gagcccgtgt ccgtggacgt gggggaagac gcttccctca gctgcgcctg 1200
gcgcgggaac ccgcttccac gggtaacctg gaccgcgcgc ggtggcgcgc aggtgtctgg 1260
ctctggagcc acactgcgtc ttccgtcgtt ggggcccag gacgcaggcg actatgtgtg 1320
cagagctgag gctgggctat cgggcctgcg gggcgggccc gcggaggctc ggctgactgt 1380
gaacgtccc ccagtagtga ccgcccgtga ctctgcgcct gccttctga ggggcccctg 1440
tcgcctccag tgtctggttt tcgcctctcc cgcccagat gccgtggtct ggtcttggga 1500
tgagggttct ctggaggcgg ggtcgcaggc ccggttctgt gtggagacat tccctgcccc 1560
agagagccgc gggggactgg gtccgggcct gatctctgtg ctacacattt cggggaccca 1620
ggagtctgac tttagcagga gctttaactg cagtccccgg aaccggctgg gcgagggagg 1680
tgcccaggcc agcctgggcc gtagagactt gctgccact gtgcggatag tggccggagt 1740
ggccgctgcc accacaactc tcttattggt catcactggg gtggccctct gctgctggcg 1800
ccacagcaag gcctcagcct ctttctccga gaaaagaac ctgatcgaa tccctggcag 1860

25 / 39

cagcgacggc tccagttcac gaggtcciga agaagaggag acaggcagcc gcgaggaccg 1920
 gggccccatt gtgcacactg accacagiga tctggttctg gaggaggaag ggactctgga 1980
 gaccaaggac ccaaccaacg gttactacaa ggtccgagga gtcagtgtga gcctgagcct 2040
 tggcgaagcc cctggaggag gtctcttccg gccaccaccc tcccccttg ggccccagg 2100
 gacccttacc ttctatgact tcaaccaca cctgggcatg gtccccctt gcagacttta 2160
 cagagccagg gcaggctatc tcaccacacc ccacctcga gctttacca gctacatcaa 2220
 accacatcc ttggggccc cagatctggc ccccgggact ccccccttc catatgtgc 2280
 ctccccaca cctagccacc cgcgtctcca gactcacgtg tgacatcttt ccaatggaag 2340
 agtccctggga tctccaactt gccatcctgg attgttctga tttctgagga gccaggacaa 2400
 gtggcgacc ttactcctcc aaaactgaac acaaggggag ggaaagatca ttacatttgt 2460
 caggagcatt tgtatacagt cagctcagcc aaaggagatg cccaagtgg gagcaacatg 2520
 gccacccaat atgccacct attccccgt gtaaaagaga ttcaagatgg caggtaggcc 2580
 ctitgaggag agatggggac agggcagtgg gtgttgggag ttggggccg ggatggaagt 2640
 tgtttctagc cactgaaaga agatatttca agatgacat ctgcattgag aggaaaggta 2700
 gcataggata gatgaagatg aagagcatac caggccccac cctggctctc cctgagggga 2760
 actttgctcg gccaatggaa atgcagccaa gatggccata tactccctag gaaccaaga 2820
 tggccacat ctigtattta ctttcttaa agacacagaa agacttgac ccaaggagt 2880
 gggatacagt gagaattacc actgttgggg caaatattg ggataaaaat atttatgttt 2940
 aataataaaa aaaagtcaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 2976

<210> 8

<211> 196

<212> PRT

<213> Homo sapiens

26 / 39

<400> 8

Met Leu Arg Met Arg Val Pro Ala Leu Leu Val Leu Leu Phe Cys Phe

1 5 10 15

Arg Gly Arg Ala Gly Pro Ser Pro His Phe Leu Gln Gln Pro Glu Asp

20 25 30

Leu Val Val Leu Leu Gly Glu Glu Ala Arg Leu Pro Cys Ala Leu Gly

35 40 45

Ala Tyr Trp Gly Leu Val Gln Trp Thr Lys Ser Gly Leu Ala Leu Gly

50 55 60

Gly Gln Arg Asp Leu Pro Gly Trp Ser Arg Tyr Trp Ile Ser Gly Asn

65 70 75 80

Ala Ala Asn Gly Gln His Asp Leu His Ile Arg Pro Val Glu Leu Glu

85 90 95

Asp Glu Ala Ser Tyr Glu Cys Gln Ala Thr Gln Ala Gly Leu Arg Ser

100 105 110

Arg Pro Ala Gln Leu His Val Leu Val Pro Pro Glu Ala Pro Gln Val

115 120 125

Leu Gly Gly Pro Ser Val Ser Leu Val Ala Gly Val Pro Ala Asn Leu

27 / 39

130

135

140

Thr Cys Arg Ser Arg Gly Asp Ala Arg Pro Ala Pro Glu Leu Leu Trp

145

150

155

160

Phe Arg Asp Gly Val Leu Leu Asp Gly Ala Thr Phe His Gln Thr Leu

165

170

175

Leu Lys Glu Gly Thr Pro Gly Ser Val Glu Ser Thr Leu Thr Leu Thr

180

185

190

Pro Phe Gln Pro

195

<210> 9

<211> 1532

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 9

cccagagacc caggccgcgg aactggcagg cgtttcagag cgtcagaggc tgcggatgag 60
 cagacttggg ggactccagg ccagagacta ggctgggcga agagtcgagc gtgaaggggg 120
 ctccgggcca gggtagacagg aggcgtgctt gagaggaaga agttgacggg aaggccagtg 180
 cgacggcaaa tctcgtgaac cttgggggac gaatgctcag gatgcgggtc cccgccctcc 240
 tcgtcctcct cttctgttcc agaggagag caggcccggtc gcccatttc ctgcaacagc 300

28 / 39

cagaggacct ggtggtgctg ctgggcgagg gaggtgccca ggccagcctg ggccgtagag 360
cctcagccic ttctccgag caaaagaacc tgatgcgaat ccttggcagc agcgacggct 420
ccagttcacg aggtcctgaa gaagaggaga caggcagccg cgaggaccgg ggccccattg 480
tgcacaciga ccacagtga ctggttctgg aggaggaagg gactctggag accaaggacc 540
caaccaacgg ttactacaag gtccgaggag tcagtgtgag cctgagcctt ggccaagccc 600
ctggaggagg tctcttctg ccaccacct ccccccctgg gccccaggg acccctacct 660
tctatgactt caaccacac ctgggcatgg tccccctg cagactttac agagccaggg 720
caggctctct caccacacc caccctcgag ctttaccag ctacatcaa cccacatcct 780
ttgggcccc agatctggcc cccgggactt ccccttccc atatgtgcc tccccacac 840
ctagccacc gcgtctccag actcacgtgt gacatcttt caatggaaga gtcttgggat 900
ctccaacttg ccataatgga ttgttctgat ttctgaggag ccaggacaag ttggcgacct 960
tactcttcca aaactgaaca caaggggagg gaaagatcat tacattgtc aggagcattt 1020
gtatacagtc agctcagcca aaggagatgc cccaagtggg agcaacatgg ccaccaata 1080
tgcccaccta tccccggtg taaaagagat tcaagatggc aggtaggccc tttagaggaga 1140
gatggggaca gggcagtggg tgttgggagt ttggggccgg gatggaagtt gtttctagcc 1200
actgaaagaa gatatttcaa gatgaccatc tgcattgaga ggaaaggtag cataggatag 1260
atgaagatga agagcatacc agggcccacc ctggctctcc ctgaggggaa ctttgctcgg 1320
ccaatggaaa tgcagccaag atggccatat actccctagg aaccaagat ggccaccatc 1380
ttgatittac tticcttaaa gactcagaaa gacttggacc caaggagtgg ggatacagt 1440
agaattacca ctgttggggc aaaatattgg gataaaaata ttatgttta ataataaaaa 1500
aaagtcaaag aggcaaaaaa aaaaaaaaaa aa 1532

<210> 10

<211> 219

<212> PRT

29 / 39

<213> Homo sapiens

<400> 10

Met Leu Arg Met Arg Val Pro Ala Leu Leu Val Leu Leu Phe Cys Phe

1 5 10 15

Arg Gly Arg Ala Gly Pro Ser Pro His Phe Leu Gln Gln Pro Glu Asp

20 25 30

Leu Val Val Leu Leu Gly Glu Gly Gly Ala Gln Ala Ser Leu Gly Arg

35 40 45

Arg Ala Ser Ala Ser Phe Ser Glu Gln Lys Asn Leu Met Arg Ile Pro

50 55 60

Gly Ser Ser Asp Gly Ser Ser Ser Arg Gly Pro Glu Glu Glu Glu Thr

65 70 75 80

Gly Ser Arg Glu Asp Arg Gly Pro Ile Val His Thr Asp His Ser Asp

85 90 95

Leu Val Leu Glu Glu Glu Gly Thr Leu Glu Thr Lys Asp Pro Thr Asn

100 105 110

Gly Tyr Tyr Lys Val Arg Gly Val Ser Val Ser Leu Ser Leu Gly Glu

115 120 125

30/39

Ala Pro Gly Gly Gly Leu Phe Leu Pro Pro Pro Ser Pro Leu Gly Pro

130

135

140

Pro Gly Thr Pro Thr Phe Tyr Asp Phe Asn Pro His Leu Gly Met Val

145

150

155

160

Pro Pro Cys Arg Leu Tyr Arg Ala Arg Ala Gly Tyr Leu Thr Thr Pro

165

170

175

His Pro Arg Ala Phe Thr Ser Tyr Ile Lys Pro Thr Ser Phe Gly Pro

180

185

190

Pro Asp Leu Ala Pro Gly Thr Pro Pro Phe Pro Tyr Ala Ala Phe Pro

195

200

205

Thr Pro Ser His Pro Arg Leu Gln Thr His Val

210

215

<210> 11

<211> 26

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

31 / 39

<223> Description of Artificial Sequence:adapter for
cDNA amplification

<400> 11

cagctccaca acctacatca ttccgt

26

<210> 12

<211> 12

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:adapter for
cDNA amplification

<400> 12

acggaatgat gt

12

<210> 13

<211> 26

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

3 2 / 3 9

<223> Description of Artificial Sequence:adapter for
cDNA amplification

<400> 13

gtccatcttc tctctgagac tctggt

26

<210> 14

<211> 12

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:adapter for
cDNA amplification

<400> 14

accagagtct ca

12

<210> 15

<211> 26

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

33/39

<223> Description of Artificial Sequence:adapter for
cDNA amplification

<400> 15

ctgatgggtg tcttctgtga gtgtgt

26

<210> 16

<211> 12

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:adapter for
cDNA amplification

<400> 16

acacactcac ag

12

<210> 17

<211> 26

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

34/39

<223> Description of Artificial Sequence:adapter for
cDNA amplification

<400> 17

ccagcatcga gaatcagtgt gacagt

26

<210> 18

<211> 12

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:adapter for
cDNA amplification

<400> 18

actgtcacac tg

12

<210> 19

<211> 26

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

35 / 39

<223> Description of Artificial Sequence:adapter for
cDNA amplification

<400> 19

gtcgatgaac ttcgactgtc gatcgt

26

<210> 20

<211> 12

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:adapter for
cDNA amplification

<400> 20

acgatcgaca gt

12

<210> 21

<211> 26

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

3 6 / 3 9

<223> Description of Artificial Sequence:primer for RACE
method

<400> 21

ggcttttacac tttatgcttc cggctc

26

<210> 22

<211> 26

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:primer for RACE
method

<400> 22

cagctatgac catgattacg ccaagc

26

<210> 23

<211> 26

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

37 / 39

<223> Description of Artificial Sequence:primer for RACE
method

<400> 23

aggcgattaa gttgggtaac gccagg

26

<210> 24

<211> 26

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:primer for RACE
method

<400> 24

ccagtcacga cgttgtaaaa cgacgg

26

<210> 25

<211> 26

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

38/39

<223> Description of Artificial Sequence:primer for RACE
method

<400> 25

cttcccgat gctaccttgt ctccac

26

<210> 26

<211> 26

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:primer for RACE
method

<400> 26

tccatctctc caagtgaagg gtcttg

26

<210> 27

<211> 26

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

39 / 39

<223> Description of Artificial Sequence:primer for RACE
method

<400> 27

ccaacagtc tgc atgcttg taatga

26

<210> 28

<211> 26

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:primer for RACE
method

<400> 28

tccttcaatg ttcagttttg gagggg

26

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP03/13420

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

Int.Cl⁷ C12N15/09, C12N15/12, C07K14/47, C07K16/18, C12N1/15,
C12N1/19, C12N1/21, C12N5/10, C12N5/06, C12Q1/02,
G01N33/48, G01N33/53

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

Int.Cl⁷ C12N15/09, C12N15/12, C07K14/47, C07K16/18, C12N1/15,
C12N1/19, C12N1/21, C12N5/10, C12N5/06, C12Q1/02,
G01N33/48, G01N33/53

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practicable, search terms used)

BIOSIS/WPI (DIALOG), MEDLINE (STN), JSTplus/JST7580 (JOIS),
SwissProt/PIR/GeneSeq, GenBank/EMBL/DDBJ/GeneSeq

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	WO 9423754 A1 (The United States of America as represented by the Department of Health and Human Services), 27 October, 1994 (27.10.94), & AU 9465312 A & EP 696205 A1 & JP 8-509215 A & US 5690927 A & US 5869463 A & DE 69429721 E & US 2002/0110546 A1	10-12/1-9
X	KORDOWER, J.H. et al., Neuropathological evidence of graft survival and striatal reinnervation after the transplantation of fetal mesencephalic tissue in a patient with Parkinson's disease, N.Engl.J.Med, 1995, Vol.332, No.17, pages 1118 to 1124	10-12/1-9



Further documents are listed in the continuation of Box C.



See patent family annex.

* Special categories of cited documents:

"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance

"E" earlier document but published on or after the international filing date

"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)

"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means

"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

"T"

later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention

"X"

document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone

"Y"

document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art

"&"

document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search
10 November, 2003 (10.11.03)

Date of mailing of the international search report
25 November, 2003 (25.11.03)

Name and mailing address of the ISA/
Japanese Patent Office

Authorized officer

Facsimile No.

Telephone No.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP03/13420

C (Continuation). DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	Kazuhiro SAKURADA et al., "Seitai Shinkei Kansaibo Bunka no Bunshi Mechanism", Cell Technology, 2000, Vol.19, No.3, pages 398 to 405	10-12/1-9
X	Kazuhiro SAKURADA et al., "Seitai Shinkei Kansaibo o Hyoteki to shita Saisei Iryo", The Tissue Culture Engineering, 2000, Vol.26, No.8, pages 303 to 306	10-12/1-90
P,X	US 2003/0036150 A1 (GENETIC INC.), 20 February, 2003 (20.02.03), PRO#292 (Family: none)	5-7
A	LISITSYN, N.A. et al., Representational difference analysis: finding the differences between genomes, Trends Genet, 1995, Vol.11, No.8, pages 303 to 307	1-12

A. 発明の属する分野の分類 (国際特許分類 (IPC))

Int. Cl. C12N15/09, C12N15/12, C07K14/47, C07K16/18, C12N1/15, C12N1/19, C12N1/21, C12N5/10, C12N5/06, C12Q1/02, G01N33/48, G01N33/53

B. 調査を行った分野

調査を行った最小限資料 (国際特許分類 (IPC))

Int. Cl. C12N15/09, C12N15/12, C07K14/47, C07K16/18, C12N1/15, C12N1/19, C12N1/21, C12N5/10, C12N5/06, C12Q1/02, G01N33/48, G01N33/53

最小限資料以外の資料で調査を行った分野に含まれるもの

国際調査で使用した電子データベース (データベースの名称、調査に使用した用語)
BIOSIS/WPI (DIALOG), MEDLINE (STN), JSTPlus/JST7580 (JOIS),
SwissProt/PIR/GeneSeq, GenBank/EMBL/DBJ/GeneSeq

C. 関連すると認められる文献

引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	関連する 請求の範囲の番号
X	WO 9423754 A1 (The United States of America as represented by the Department of Health and Human Services) 1994. 10. 27 & AU 9465312 A & EP 696205 A1 & JP 8-509215 A & US 5690927 A & US 5869463 A & DE 69429721 E & US 2002/0110546 A1	10-12/1-9

☒ C欄の続きにも文献が列挙されている。

☐ パテントファミリーに関する別紙を参照。

* 引用文献のカテゴリー

「A」 特に関連のある文献ではなく、一般的技術水準を示すもの

「E」 国際出願日前の出願または特許であるが、国際出願日以後に公表されたもの

「L」 優先権主張に疑義を提起する文献又は他の文献の発行日若しくは他の特別な理由を確立するために引用する文献 (理由を付す)

「O」 口頭による開示、使用、展示等に言及する文献

「P」 国際出願日前で、かつ優先権の主張の基礎となる出願

の日の後に公表された文献

「T」 国際出願日又は優先日後に公表された文献であって出願と矛盾するものではなく、発明の原理又は理論の理解のために引用するもの

「X」 特に関連のある文献であって、当該文献のみで発明の新規性又は進歩性がないと考えられるもの

「Y」 特に関連のある文献であって、当該文献と他の1以上の文献との、当業者にとって自明である組合せによって進歩性がないと考えられるもの

「&」 同一パテントファミリー文献

国際調査を完了した日

10. 11. 03

国際調査報告の発送日

25.11.03

国際調査機関の名称及びあて先

日本国特許庁 (ISA/J P)

郵便番号 100-8915

東京都千代田区霞が関三丁目4番3号

特許庁審査官 (権限のある職員)

七條 里美

4 B

2 9 3 6

電話番号 03-3581-1101 内線 3448

C (続き) 関連すると認められる文献		
引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	関連する 請求の範囲の番号
X	KORDOWER, J. H. et al., Neuropathological evidence of graft survival and striatal reinnervation after the transplantation of fetal mesencephalic tissue in a patient with Parkinson's disease, N Engl J Med, 1995, Vol. 332, No. 17, pp. 1118-1124	10-12/1-9
X	桜田一洋他, 成体神経幹細胞分化の分子メカニズム, 細胞工学, 2000, Vol. 19, Mo. 3, pp. 398-405	10-12/1-9
X	桜田一洋, 成体神経幹細胞を標的とした再生医療, 組織培養工学, 2000, Vol. 26, No. 8, pp. 303-306	10-12/1-90
PX	US 2003/0036150 A1 (GENETIC INC) 2003. 02. 20 PRO#292 (ファミリーなし)	5-7
A	LISITSYN, N. A. et al., Representational difference analysis: finding the differences between genomes, Trends Genet, 1995, Vol. 11, No. 8, pp. 303-307	1-12

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP03/13420

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

Int.Cl⁷ C12N15/09, C12N15/12, C07K14/47, C07K16/18, C12N1/15,
C12N1/19, C12N1/21, C12N5/10, C12N5/06, C12Q1/02,
G01N33/48, G01N33/53

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

Int.Cl⁷ C12N15/09, C12N15/12, C07K14/47, C07K16/18, C12N1/15,
C12N1/19, C12N1/21, C12N5/10, C12N5/06, C12Q1/02,
G01N33/48, G01N33/53

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practicable, search terms used)

BIOSIS/WPI (DIALOG), MEDLINE (STN), JSTplus/JST7580 (JOIS),
SwissProt/PIR/GeneSeq, GenBank/EMBL/DDBJ/GeneSeq

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	WO 9423754 A1 (The United States of America as represented by the Department of Health and Human Services), 27 October, 1994 (27.10.94), & AU 9465312 A & EP 696205 A1 & JP 8-509215 A & US 5690927 A & US 5869463 A & DE 69429721 E & US 2002/0110546 A1	10-12/1-9
X	KORDOWER, J.H. et al., Neuropathological evidence of graft survival and striatal reinnervation after the transplantation of fetal mesencephalic tissue in a patient with Parkinson's disease, N.Engl.J.Med, 1995, Vol.332, No.17, pages 1118 to 1124	10-12/1-9

☒ Further documents are listed in the continuation of Box C.

☐ See patent family annex.

* Special categories of cited documents:

"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance

"E" earlier document but published on or after the international filing date

"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)

"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means

"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention

"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone

"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art

"&" document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search
10 November, 2003 (10.11.03)

Date of mailing of the international search report
25 November, 2003 (25.11.03)

Name and mailing address of the ISA/
Japanese Patent Office

Authorized officer

Facsimile No.

Telephone No.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP03/13420

C (Continuation). DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	Kazuhiro SAKURADA et al., "Seitai Shinkei Kansaibo Bunka no Bunshi Mechanism", Cell Technology, 2000, Vol.19, No.3, pages 398 to 405	10-12/1-9
X	Kazuhiro SAKURADA et al., "Seitai Shinkei Kansaibo o Hyoteki to shita Saisei Iryo", The Tissue Culture Engineering, 2000, Vol.26, No.8, pages 303 to 306	10-12/1-90
P,X	US 2003/0036150 A1 (GENETIC INC.), 20 February, 2003 (20.02.03), PRO#292 (Family: none)	5-7
A	LISITSYN, N.A. et al., Representational difference analysis: finding the differences between genomes, Trends Genet, 1995, Vol.11, No.8, pages 303 to 307	1-12